

POWERED BY Dialog

New DNA sequences encoding sucrose regulating enzymes of sugar beet - for regulating sucrose concn. specifically ADP glucose pyrophosphorylase, sucrose phosphate synthase and sucrose synthase.

Patent Assignee: SCHERING AG; HOECHST-SCHERING AGREVO GMBH; HOECHST SCHERING AGREVO GMBH

Inventors: HESSE H; MUELLER-ROEBER B; MUELLER-ROEDER B

Patent Family

Patent Number	Kind	Date	Application Number	Kind	Date	Week	Type
DE 4317596	A1	19941201	DE 4317596	A	19930524	199502	B
WO 9428146	A2	19941208	WO 94EP1671	A	19940520	199503	
WO 9428146	A3	19950126	WO 94EP1671	A	19940520	199611	
EP 701617	A1	19960320	EP 94916985	A	19940520	199616	
			WO 94EP1671	A	19940520		
HU 74394	T	19961230	WO 94EP1671	A	19940520	199714	
			HU 953349	A	19940520		
US 5866790	A	19990202	WO 94EP1671	A	19940520	199912	
			US 95553436	A	19951117		

Priority Applications (Number Kind Date): DE 4317596 A (19930524)

Cited Patents: 8. journal ref.; EP 438904 ; EP 455316 ; EP 466995 ; EP 530978 ; WO 9119806; WO 9216631; WO 9309237; No search report pub.

Patent Details

Patent	Kind	Language	Page	Main IPC	Filing Notes
DE 4317596	A1		78	C12N-015/54	
WO 9428146	A2	E	75	C12N-015/82	
Designated States (National): CA HU JP RU UA US					
Designated States (Regional): AT BE CH DE DK ES FR GB GR IE IT LU MC NL PT SE					
EP 701617	A1	E		C12N-015/82	Based on patent WO 9428146
Designated States (Regional): AT BE CH DE DK ES FR GB GR IE IT LI LU MC NL PT SE					
HU 74394	T			C12N-015/82	Based on patent WO 9428146
US 5866790	A			A01H-005/00	Based on patent WO 9428146
WO 9428146	A3			C12N-015/54	

Abstract:

DE 4317596 A

THIS PAGE BLANK (USPTO)

Four new DNA sequences, for prepn. of sugar beet with altered sucrose concn., contain the coding regions for the large subunit of ADP glucose pyrophosphorylase (A); the small subunit of (A); sucrose phosphate synthase (B) or sucrose synthase (C). They contain, respectively, 1924, 1763, 3635 and 2563 bases and encode proteins of 522, 484, 1085 and 766 amino acids; all these sequences are reproduced in the specification. Also new are (1) derivs. of this DNA produced by individual base exchanges or (non) directed mutagenesis; (2) plasmids contg such DNA under control of promoters which provide expression at a particular time or development stage, or in a specific tissue, with orientation giving transcription of sense or antisense RNA, also a stop signal, and (3) sugar beet contg. such DNA.

USE - These sequences are used to alter sucrose contents of sugar beet, partic. to study the way in which this species regulate changes in carbohydrate content.

Dwg.0/0

Derwent World Patents Index

© 2005 Derwent Information Ltd. All rights reserved.

Dialog® File Number 351 Accession Number 10106232

THIS PAGE BLANK (USPTO)

(19) BUNDESREPUBLIK

DEUTSCHLAND



DEUTSCHES

PATENTAMT

(12) Offenlegungsschrift
(10) DE 43 17 596 A 1

(51) Int. Cl. 5:

C 12 N 15/54

C 12 N 9/10

C 12 N 15/63

A 01 H 5/08

(21) Aktenzeichen: P 43 17 596.1
(22) Anmeldetag: 24. 5. 93
(43) Offenlegungstag: 1. 12. 94

(71) Anmelder:

Schering AG, 13353 Berlin, DE

(72) Erfinder:

Hesse, Holger, 10829 Berlin, DE; Müller-Röber,
Bernd, 12247 Berlin, DE

(54) DNA-Sequenzen und Plasmide zur Herstellung von Zuckerrüben mit veränderter Saccharose-Konzentration

(55) Es werden DNA-Sequenzen und Plasmide beschrieben, die bei Integration in das pflanzliche Genom der Zuckerrübe die Saccharosekonzentration verändern sowie transgene Zuckerrüben, bei denen nach Einführung der erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen Veränderungen in der Zuckerkonzentration hervorgerufen werden.

DE 43 17 596 A 1

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

BUNDESDRUCKEREI 10.94 408 048/188

30/38

DE 43 17 596 A 1

Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft DNA-Sequenzen und Plasmide, die bei Integration in das Genom einer Zuckerrübenpflanze den Zuckerkatabolismus verändern sowie die mit Hilfe dieser Sequenzen hergestellten transgenen Pflanzen.

Saccharose ist von zentraler Bedeutung für die Pflanze und dient vielfältigen Funktionen.

Für den Langstreckentransport von Photoassimilaten bzw. Energie zwischen verschiedenen Organen in Pflanzen wird fast ausschließlich Saccharose verwendet. Die Saccharose, die in ein bestimmtes heterotropes Organ transportiert wird, determiniert das Wachstum und die Entwicklung dieses Organs. So ist z. B. aus der EP 442 592 bekannt, daß transgene Pflanzen, bei denen der Abtransport der Saccharose aus den exportierenden Blättern durch Expression einer apoplastischen Invertase inhibiert wird, eine starke Reduktion des Wachstums von Wurzeln oder Knollen der Kartoffelpflanzen zeigen. Für Tabakpflanzen ist die prinzipielle Bedeutung der Saccharose als zentrale Funktion für den Langstreckentransport von Energieträgern innerhalb der Pflanze beschrieben (von Schaewen et al, 1990, EMBO J 9 : 3033—3044).

Ferner ist aus der EP 455 316 bekannt, daß auf Plasmiden befindliche DNA-Sequenzen nach Einführung in ein pflanzliches Genom einer Kartoffelpflanze in die Stärkebiosynthese eingreifen sowie die Menge und Zusammensetzung des in der Kartoffelknolle enthaltenen Proteins verändern können.

Während es bekannt ist, daß eine Verringerung der Menge der in die heterotrophen Organe wie Knolle und Samen importierten Saccharose zu einem Ertragsverlust führt, ist nicht bekannt, ob eine Erhöhung der Saccharosemenge in den photosynthetisch aktiven Teilen der Pflanze, also primär den Blättern, zu einer verbesserten Versorgung der heterotrophen Organe und damit zu einer Erhöhung des Ertrags führt.

Weiterhin besitzt Saccharose bzw. die von der Saccharose abgeleiteten Hexosen Glukose und Fruktose die Eigenschaft, Pflanzen vor Frostschäden bei niedrigen Temperaturen zu schützen. Schäden durch Frost stellen in der nördlichen Hemisphäre einen der begrenzenden Faktoren landwirtschaftlicher Produktivität dar. Temperaturen unterhalb des Gefrierpunkts führen zur Bildung von Eiskristallen. Da die wachsenden Eiskristalle aus reinem Wasser bestehen, wird den Zellen bei sinkenden Temperaturen Wasser entzogen. Diese Dehydratation hat mindestens zwei potentiell schädliche Folgen:

1. Alle gelösten Stoffe innerhalb einer Zelle werden stark konzentriert und die Zelle kontrahiert sich infolge des Wasserverlustes. Hochkonzentierte Salze und organische Säuren führen zu Membranschädigungen.
2. Bei der Rehydratation beim Tauen expandiert die vorher kontrahierte Zelle wieder. Die Zellmembranen dehnen sich wieder aus. Die Volumenexpansion stellt eine große mechanische Belastung der Membranen dar.

Es ist also offensichtlich, daß ein Gefrier/Tau Zyklus zu einer starken Membranschädigung der Zellen führen kann und somit zu einer Schädigung der Pflanze.

Es erscheint von daher erstrebenswert, das Gefrieren zu verhindern. Eine der möglichen Strategien ist die verstärkte Bildung von osmotisch aktiven Substanzen im Cytosol pflanzlicher Zellen. Dies sollte zu einer Erniedrigung des Gefrierpunktes führen. Osmotisch aktive Substanzen sind u. a. Saccharose bzw. die beiden aus der Saccharose abgeleiteten Hexosen.

Die vermehrte Bildung von Saccharose bzw. den beiden Hexosen bei niedrigen Temperaturen ist in der wachsenden Pflanze erwünscht. Eine andere Situation kann bei geernteten Teilen einer Pflanze, insbesondere bei deren Lagerung vorliegen.

In Bezug auf wirtschaftliche Aspekte besitzt die Saccharose demnach zwei besonders wichtige Funktionen:

1. Die Funktion als Transportform für den Ferntransport von Photoassimilaten,
2. Die Funktion als osmotisch aktive Substanz mit der erwünschten Wirkung einer Gefrierpunktniedrigung in der intakten, wachsenden Pflanze.

Die Biosynthesewege zur Bildung von Saccharose entweder aus den primären Photosyntheseprodukten (im Blatt) oder über den Abbau von Stärke (in Speicherorganen wie z. B. der Kartoffel) sind bekannt.

Es ist aber nicht bekannt, wie und über welche Wege in der Zuckerrübe eine Änderung der Kohlenhydratkonzentration erreicht werden kann, da es nicht möglich ist, selbst sehr ähnliche Gene, wie z. B. Gene, die für eine Saccharosesynthase, ADP-Glucose-Pyrophosphorylase oder Saccharosephosphat-Synthase der Kartoffel kodieren, mit zufriedenstellendem Erfolg zur Herstellung von Zuckerrüben mit veränderter Saccharose-Konzentration zu verwenden. Eine genaue Analyse und Bestimmung der für die Zuckerrübe in Betracht kommenden DNA-Sequenzen bzw. Sequenzfragmente ist somit erforderlich.

Für eine Veränderung der Zuckerkonzentration in der Zuckerrübe werden nun DNA-Sequenzen, die für die kleine und große Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphorylase, die Saccharose-Synthase und die Saccharosephosphat-Synthase der Zuckerrübe (Seq. ID Nr. 1—4) kodieren, zur Verfügung gestellt.

Diese DNA-Sequenzen können in Plasmide eingebracht und dabei mit Steuerelementen für Expression in eukaryontischen Zellen kombiniert werden. Derartige Steuerelemente sind einerseits Transkriptions-Promotoren und andererseits Transkriptions-Terminatoren.

Jedes Plasmid umfaßt

- a) einen geeigneten Promotor, der sicherstellt, daß die kodierende Sequenz zum geeigneten Zeitpunkt oder in einem bestimmten Entwicklungszustand in der transgenen Pflanze oder in bestimmten Geweben von transgenen Pflanzen abgelesen wird,

- b) mindestens eine kodierende Sequenz für Zuckerrübe, die
- so an den Promotor gekoppelt ist, daß die Bildung einer in ein Protein translatierbaren RNA erlaubt wird, wobei das Protein eine enzymatische Aktivität aufweist, die zu einer Veränderung der Saccharosekonzentration in der Pflanze führt oder
 - die so an den Promotor gekoppelt ist, daß der nicht-kodierende Strang abgelesen wird, was zur Bildung einer sog. "anti-sense" RNA führt, die die Bildung des von einem endogenen Gen in der Pflanze kodierten Proteins, das in der Saccharosebiosynthese involviert ist, unterdrückt und
- c) eine nicht-kodierende Terminations-Sequenz, die die Signale zur Termination und Poly-Adenylierung des Transkripts enthält.

Die unter b) genannten kodierenden Sequenzen sind die Sequenzen, die für die große und kleine Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphorylase, für die Saccharosephosphat-Synthase und für die Saccharosesynthase aus Zuckerrübe kodieren.

Die große Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphorylase hat die folgende Nukleotidabfolge (Seq. ID Nr. 1):

CAAAAGAAAA ACTTCCCATT TCTACTTCTT TGCACAATAT AATTTCCAC 0050

CAATTTTCT TTAAATTCCT CACTTCATT TAATCAGTTT TCAGCAACAT 0100

TCTGATACTC GACAACCCAC TTTCTGTTCT CCCAAGATTC CAAACCTCTG 0150

ATTCTCATTC CACTAATATT TTTGCTTATT TTTTTCTGG ATTTAAAGAA 0200

AAGCT ATG GAT GCA AGT GCA GCA GCC ATA AAT GTC AAT GCC CAT 0243

Met Asp Ala Ser Ala Ala Ala Ile Asn Val Asn Ala His

5

10

35

TTA ACA GAA GTT GGA AAG AAA CGT TTT TTA GGA GAG AGA ATC AGT 0288

Leu Thr Glu Val Gly Lys Lys Arg Phe Leu Gly Glu Arg Ile Ser

15

20

25

40

45

50

55

60

65

DE 43 17 596 A1

CAA AGT TTG AAG GGT AAA GAT CTG AGA GCT CTG TTT TCA AGA ACT 0333
 Gln Ser Leu Lys Gly Lys Asp Leu Arg Ala Leu Phe Ser Arg Thr

5

30

35

40

GAG AGC AAG GGT AGA AAT GTC AAT AAA CCT GGG GTT GCA TTT TCT 0378
 Glu Ser Lys Gly Arg Asn Val Asn Lys Pro Gly Val Ala Phe Ser
 10 45 50 55

15 GTT CTC ACC TCA GAT TTT AAT CAA AGT GTT AAA GAA TCT TTG AAA 0423
 Val Leu Thr Ser Asp Phe Asn Gln Ser Val Lys Glu Ser Leu Lys
 20 60 65 70

20

TAT GAG CCA GCA TTA TTT GAA TCT CCA AAA GCT GAC CCA AAA AAT 0468
 Tyr Glu Pro Ala Leu Phe Glu Ser Pro Lys Ala Asp Pro Lys Asn
 25 75 80 85

30 GTG GCT GCA ATT GTG CTG GGT GGT GCT GGG ACT CGC CTC TTT 0513
 Val Ala Ala Ile Val Leu Gly Gly Ala Gly Thr Arg Leu Phe
 90 95 100

35

CCT CTT ACT AGC AGG AGA GCT AAG CCA GCA GTG CCA ATT GGA GGG 0558
 Pro Leu Thr Ser Arg Arg Ala Lys Pro Ala Val Pro Ile Gly Gly
 40 105 110 115

40

45 TGT TAC AGG CTG ATT GAT GTG CCT ATG AGC AAC TGC ATC AAC AGT 0603
 Cys Tyr Arg Leu Ile Asp Val Pro Met Ser Asn Cys Ile Asn Ser
 120 125 130

50

GGC ATT AGA AAG ATT TTC ATT CTT ACC CAG TTC AAT TCG TTT TCG 0648
 Gly Ile Arg Lys Ile Phe Ile Leu Thr Gln Phe Asn Ser Phe Ser
 135 140 145

55

CTT AAT CGT CAT CTT GCT CGA ACC TAT AAT TTT GGA GAT GGT GTG 0693
 Leu Asn Arg His Leu Ala Arg Thr Tyr Asn Phe Gly Asp Gly Val
 60 150 155 160

65

DE 43 17 596 A1

AAT TTT GGG GAT GGC TTT GTG GAG GTT TTT GCT GCT ACA CAA ACA 0738
 Asn Phe Gly Asp Gly Phe Val Glu Val Phe Ala Ala Thr Gln Thr
 165 170 175 5

CCT GGA GAA TCA GGA AAG AAA TGG TTC CAG GGC ACC GCT GAT GCA 0783
 Pro Gly Glu Ser Gly Lys Lys Trp Phe Gln Gly Thr Ala Asp Ala
 180 185 190 10

GTA AGA CAG TTT TTC TGG GCA TTT GAG GAT TCC AAA TCC AAG GAT 0828 15
 Val Arg Gln Phe Phe Trp Ala Phe Glu Asp Ser Lys Ser Lys Asp
 195 200 205

GTC GAG CAT ATA GTT ATT TTA TCC GGT GAT CAT CTT TAC CGA ATG 0873
 Val Glu His Ile Val Ile Leu Ser Gly Asp His Leu Tyr Arg Met
 210 215 220 20

GAT TAC ATG AGT TTT TGG CAG AAG CAC ATT GAC ACC AAT GCT GAT 0918
 Asp Tyr Met Ser Phe Trp Gln Lys His Ile Asp Thr Asn Ala Asp
 225 230 235 30

ATT ACA GTG TCA TGC ATA CCC ATG GAT GAC AGC CGT GCA TCG GAT 0963 35
 Ile Thr Val Ser Cys Ile Pro Met Asp Asp Ser Arg Ala Ser Asp
 240 245 250

TAT GGG CTG ATG AAG ATT GAT CAC ACT GGA CGC ATT GTC CAT TTT 1008
 Tyr Gly Leu Met Lys Ile Asp His Thr Gly Arg Ile Val His Phe
 255 260 265 45

GCA GAA AAA CCC AAG GGT TCT GAT CTA ACA GCA ATG CAA GTA GAT 1053 50
 Ala Glu Lys Pro Lys Gly Ser Asp Leu Thr Ala Met Gln Val Asp
 270 275 280

ACA ACT GTT CTT GGG CTC TCT GAC CTT GAA GCT ATG TCA AAT CCA 1098
 Thr Thr Val Leu Gly Leu Ser Asp Leu Glu Ala Met Ser Asn Pro
 285 290 295 55

DE 43 17 596 A1

TAT ATT GCA TCA ATG GGT GTT TAT GTC TTT CGA ACG GAT GTT CTT 1143
 Tyr Ile Ala Ser Met Gly Val Tyr Val Phe Arg Thr Asp Val Leu
 5 300 305 310

ATG GAG CTT CTC AAT CGA AAA TAC CCT TCA AGC AAT GAT TTT GGC 1188
 10 Met Glu Leu Leu Asn Arg Lys Tyr Pro Ser Ser Asn Asp Phe Gly
 315 320 325

TCT GAG ATT ATT CCT TCA GCT GTA GGA GAG TCT AAT GTT CAG GCA 1233
 15 Ser Glu Ile Ile Pro Ser Ala Val Gly Glu Ser Asn Val Gln Ala
 330 335 340
 20

TAT CTA TTT AAT GAC TAC TGG GAG GAT ATC GGA ACC ATA AAG TCT 1278
 Tyr Leu Phe Asn Asp Tyr Trp Glu Asp Ile Gly Thr Ile Lys Ser
 25 345 350 355

TTC TTT GAT TCC AAT TTG GCC CTT ACA CAA CAG CCT CCC AAG TTT 1323
 30 Phe Phe Asp Ser Asn Leu Ala Leu Thr Gln Gln Pro Pro Lys Phe
 360 365 370

GAA TTC TAC GAT CCA AAA ACA CCT TTT TAT ACA TCT GCA AGA TTT 1368
 35 Glu Phe Tyr Asp Pro Lys Thr Pro Phe Tyr Thr Ser Ala Arg Phe
 375 380 385
 40

CTG CCT ACA AAA GTC GAC AGG TGC AAG ATT GTC GAT TCC ATT 1413
 45 Leu Pro Pro Thr Lys Val Asp Arg Cys Lys Ile Val Asp Ser Ile
 390 395 400

GTA TCC CAT GGT TGT TTT CTA CAG GAG TCT AGC ATC CAA CAT TCC 1458
 50 Val Ser His Gly Cys Phe Leu Gln Glu Ser Ser Ile Gln His Ser
 405 410 415

ATT GTT GGT GTT CGC TCA AGA TTA GAG TCC GGG GTT GAG TTC CAG 1503
 55 Ile Val Gly Val Arg Ser Arg Leu Glu Ser Gly Val Glu Phe Gln
 60 420 425 430

DE 43 17 596 A1

GAC ACC ATG ATG ATG GGC GCA GAT TAC TAT CAA ACT GAA TCA GAA 1548
Asp Thr Met Met Met Gly Ala Asp Tyr Tyr Gln Thr Glu Ser Glu
435 440 445

ATT GCT TCT CTG CTT GCT GAG GGA AAG GTT CCT GTT GGT GTC GGA 1593
Ile Ala Ser Leu Leu Ala Glu Gly Lys Val Pro Val Gly Val Gly
450 455 460

CAG AAT ACC AAA ATA AAG AAT TGC ATA ATT GAC AAG AAC GCC AAA 1638
Gln Asn Thr Lys Ile Lys Asn Cys Ile Ile Asp Lys Asn Ala Lys
465 470 475

ATT GGA AAA GAT GTG GTA ATC GCA AAC ACG GAT GGT GTT GAG GAA 1683
Ile Gly Lys Asp Val Val Ile Ala Asn Thr Asp Gly Val Glu Glu
480 485 490

GCA GAT AGA CCA AAT GAA GGC TTT TAC ATC AGG TCG GGC ATT ACC 1728
Ala Asp Arg Pro Asn Glu Gly Phe Tyr Ile Arg Ser Gly Ile Thr
495 500 505

ATC ATT TTG AAG AAC GCA ACC ATA CAA GAC GGT CTT GTG ATT TAG 1773
Ile Ile Leu Lys Asn Ala Thr Ile Gln Asp Gly Leu Val Ile End
510 515 520

ATTTAACCAT AACCTCATTA GAAAGAAATA ATTTTGCATG ATTCCTTTT 1823

CATGTAACCT AACTGGCTA AACCACGAGG TTTTCTCATC TGTATATATA 1873

ATATGTCTAT AACTATGGAT AATCTTAATA AAAAAAAA AAAAAAAA 1923

A 1924

Die kleine Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphatase hat die folgende Nukleotidabfolge (Seq. Nr. 2):

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

DE 43 17 596 A1

GG ATA ACT GTG CCA TCA ACC TCC TCA AAG AAC CTC CAA AAT AGC	0044			
Ile Thr Val Pro Ser Thr Ser Ser Lys Asn Leu Gln Asn Ser				
5	10			
CTC GCA TTC TCC TCT TCT CTC TCC GGC GAC AAA ATT CAA ACG	0089			
Leu Ala Phe Ser Ser Ser Leu Ser Gly Asp Lys Ile Gln Thr				
10	15	20	25	
ACG TCA TTT CTC AAC CGC CGA TAT TGT AGA ATC TCT TCT AGA GCT	0134			
Thr Ser Phe Leu Asn Arg Arg Tyr Cys Arg Ile Ser Ser Arg Ala				
15	30	35	40	
CCG ATT GTT GTC TCT CCC AAA GCT GTT TCT GAT TCT AAG AAT TCG	0179			
Pro Ile Val Val Ser Pro Lys Ala Val Ser Asp Ser Lys Asn Ser				
20	25	45	50	55
CAG ACT TGT CTT GAC CCT GAA GCC AGC CGT AGT GTT CTT GGT ATT	0224			
Gln Thr Cys Leu Asp Pro Glu Ala Ser Arg Ser Val Leu Gly Ile				
30	60	65	70	
ATA CTT GGA GGT GGT GCT GGT ACA CGT CTT TAC CCG TTG ACT AAG	0269			
Ile Leu Gly Gly Ala Gly Thr Arg Leu Tyr Pro Leu Thr Lys				
35	75	80	85	
AAG AGA GCC AAA CCA GCC GTG CCA CTC GGT GCT AAT TAT AGG CTT	0314			
Lys Arg Ala Lys Pro Ala Val Pro Leu Gly Ala Asn Tyr Arg Leu				
40	90	95	100	
ATT GAT ATC CCA GTG AGC AAT TGT TTG AAC AGT AAT ATT TCC AAA	0359			
Ile Asp Ile Pro Val Ser Asn Cys Leu Asn Ser Asn Ile Ser Lys				
50	105	110	110	
55				
60				
65				

DE 43 17 596 A1

ATA TAT GTT CTT ACA CAA TTC AAT TCT GCT TCT CTG AAT CGT CAT 0404
 Ile Tyr Val Leu Thr Gln Phe Asn Ser Ala Ser Leu Asn Arg His
 115 120 125 5

CTT TCG CGG GCA TAT GCT AGC AAC ATG GGA GGA TAC AAA AAT GAG 0449
 Leu Ser Arg Ala Tyr Ala Ser Asn Met Gly Gly Tyr Lys Asn Glu
 130 135 140 10

GGG TTT GTA GAA GTT CTT GCT GCT CAG CAA AGT CCA GAG AAT CCA 0494 15
 Gly Phe Val Glu Val Leu Ala Ala Gln Gln Ser Pro Glu Asn Pro
 145 150 155

AAC TGG TTT CAG GGT ACA GCT GAT GCT GTT AGG CAA TAT CTG TGG 0539
 Asn Trp Phe Gln Gly Thr Ala Asp Ala Val Arg Gln Tyr Leu Trp
 160 165 170 20

CTT TTC GAA GAG CAC AAT GTT CTT GAG TAC TTG ATT CTT GCT GGT 0584
 Leu Phe Glu Glu His Asn Val Leu Glu Tyr Leu Ile Leu Ala Gly
 175 180 185 30

GAC CAT TTG TAT CGA ATG GAT TAT GAA AGA TTT GTC CAA GCT CAC 0629 35
 Asp His Leu Tyr Arg Met Asp Tyr Glu Arg Phe Val Gln Ala His
 190 195 200

AGA GAA ACT GAT GCA GAC ATT ACT GTT GCT GCA TTG CCA ATG GAT 0674
 Arg Glu Thr Asp Ala Asp Ile Thr Val Ala Ala Leu Pro Met Asp
 205 210 215 45

GAA AAG CGT GCT ACT GCA TTT GGT TTG ATG AAA ATT GAT GAA GAA 0719
 Glu Lys Arg Ala Thr Ala Phe Gly Leu Met Lys Ile Asp Glu Glu
 220 225 230 50

GGA AGA ATT ATT GAG TTT GCC GAG AAA CCG AAA GGA GAA CAA TTG 0764 55
 Gly Arg Ile Ile Glu Phe Ala Glu Lys Pro Lys Gly Glu Gln Leu
 235 240 245 60

DE 43 17 596 A1

	AAA GCT ATG AAG GTT GAT ACC ACA ATC CTG GGT CTG GAC GAT GAG		0809
5	Lys Ala Met Lys Val Asp Thr Thr Ile Leu Gly Leu Asp Asp Glu		
	250	255	260
	AGA GCA AAA GAA ATG CCA TTC ATA GCC AGC ATG GGC ATA TAT GTT		0854
10	Arg Ala Lys Glu Met Pro Phe Ile Ala Ser Met Gly Ile Tyr Val		
	265	270	275
15	ATT AGC AAA GAT GTA ATG CTT AAT CTG CTT CGG GAG CAA TTT CCT		0899
	Ile Ser Lys Asp Val Met Leu Asn Leu Leu Arg Glu Gln Phe Pro		
	280	285	290
20			
	GGT GCT AAT GAT TTT GGA AGT GAA GTT ATT CCA GGC GCC ACT TCC		0944
	Gly Ala Asn Asp Phe Gly Ser Glu Val Ile Pro Gly Ala Thr Ser		
25	295	300	305
30	ATA GGG TTG AGA GTC CAA GCT TAT TTG TAT GAT GGT TAC TGG GAG		0989
	Ile Gly Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu Tyr Asp Gly Tyr Trp Glu		
	310	315	320
35			
	GAT ATT GGT ACC ATT GAA GCT TTT TAC AAT GCT AAC TTG GGA ATC		1034
	Asp Ile Gly Thr Ile Glu Ala Phe Tyr Asn Ala Asn Leu Gly Ile		
40	325	330	335
45	ACC AAA AAG CCG GTG CCA GAT TTT AGC TTC TAT GAT CGT TCA TCT		1079
	Thr Lys Lys Pro Val Pro Asp Phe Ser Phe Tyr Asp Arg Ser Ser		
	340	345	350
50			
	CCA ATT TAT ACA CAA CCT CGG TAT TTG CCT CCT TCA AAG ATG CTT		1124
	Pro Ile Tyr Thr Gln Pro Arg Tyr Leu Pro Pro Ser Lys Met Leu		
	355	360	365
55			
	GAT GCT GAT ATA ACT GAC AGC GTC ATC GGT GAA GGC TGT GTT ATT		1169
	Asp Ala Asp Ile Thr Asp Ser Val Ile Gly Glu Gly Cys Val Ile		
60	370	375	380

DE 43 17 596 A1

AAG AAC TGT AAG ATT CAT CAT TCT GTT ATC GGA CTT CGA TCT TGT	1214	
Lys Asn Cys Lys Ile His His Ser Val Ile Gly Leu Arg Ser Cys		
385	390	395
5		
ATC TCG GAG GGT GCA ATC ATT GAG GAC ACA CTG TTG ATG GGA GCT	1259	
Ile Ser Glu Gly Ala Ile Ile Glu Asp Thr Leu Leu Met Gly Ala		
400	405	410
10		
GAT TAT TAT GAG ACT GAT GCT GAT CGG AAA TTC CTG GCT GCT AAG	1304	
Asp Tyr Tyr Glu Thr Asp Ala Asp Arg Lys Phe Leu Ala Ala Lys		
415	420	425
15		
GGT AGT GTA CCT ATT GGA ATT GGG AAT GCA CGT ATT GGG GAT GAT	1349	
Gly Ser Val Pro Ile Gly Ile Gly Asn Ala Arg Ile Gly Asp Asp		
430	435	440
20		
GTC AAG ATT ATC AAC AGT GAC AAT GTA CAA GAA GCA GCA AGA GAA	1394	
Val Lys Ile Ile Asn Ser Asp Asn Val Gln Glu Ala Ala Arg Glu		
445	450	455
30		
ACA GAC GGA TAC TTC ATA AAG AGC GGA ATA GTC ACT ATA ATC AAG	1439	
Thr Asp Gly Tyr Phe Ile Lys Ser Gly Ile Val Thr Ile Ile Lys		
460	465	470
35		
GAC GCC ATG ATT CCA AGT GGA ACT GTA ATC TAG AAATGGAGCA	1482	
Asp Ala Met Ile Pro Ser Gly Thr Val Ile End		
475	480	485
40		
TATAATAAAAT ATCACTGCCT ATTTACAGTA CCTATCTGAG TCTCCCACCA	1532	
50		
TGACCCTTTG ATTCAATCTT TTAGTTATGT AAATATTGGGGCG	1582	
55		
ATTTTGCCAT AAATTTGAAG AAGCGAGGAT TCAGGGACGA TAGTGCTATG	1632	
60		
AATTGGAAGA AAGGATTTGG GGGATATCTT TGTAAAGACA TTTTGACTAC	1682	
65		
TGGGCACTAA AAATTTGGTA ATGCTATACC AAAATATATA AAAAGATCTT	1732	
GCTGGGTTTT GGTAAAAAAA AAAAAAAA A	1763	

DE 43 17 596 A1

Die Saccharosephosphat-Synthase hat die folgende Nukleotidabfolge (Seq. ID Nr. 3):

GGGCTGCAGG GAAGCTCTGA ACTTCAGAA ATG GCG GGA AAT GAT 0044

5

Met Ala Gly Asn Asp

5

10 TGG ATA AAC AGT TAT TTA GAG GCA ATT CTG GAT GTG GGT CCA GGA 0089
Trp Ile Asn Ser Tyr Leu Glu Ala Ile Leu Asp Val Gly Pro Gly
10 15 20

15

CTT GAT GAT GCA AAA TCA TCT TTG CTT TTG AGA GAA AGA GGC AGG 0134
Leu Asp Asp Ala Lys Ser Ser Leu Leu Leu Arg Glu Arg Gly Arg
20 25 30 35

25 TTT AGT CCT ACT CGT TAC TTT GTT GAA GAA GTT ATC ACT GGT TTT 0179
Phe Ser Pro Thr Arg Tyr Phe Val Glu Glu Val Ile Thr Gly Phe
40 45 50

30 GAT GAA ACC GAC CTT CAT CGT TCA TGG GTT CGG GCA CAA GCA ACA 0224
Asp Glu Thr Asp Leu His Arg Ser Trp Val Arg Ala Gln Ala Thr
35 55 60 65

40 AGG AGT CCT CAA GAG AGG AAT ACT AGA TTG GAG AAC ATG TGT TGG 0269
Arg Ser Pro Gln Glu Arg Asn Thr Arg Leu Glu Asn Met Cys Trp
70 75 80

45 AGA ATT TGG AAT TTG GCT CGT CAG AAG AAG CAG CTT GAG AAT GAA 0314
Arg Ile Trp Asn Leu Ala Arg Gln Lys Lys Gln Leu Glu Asn Glu
85 90 95

50

GAA GCT CAG CGG AAG ACA AAA CGT CGT ATG GAG CTT GAG AGG GGT 0359
Glu Ala Gln Arg Lys Thr Lys Arg Arg Met Glu Leu Glu Arg Gly
55 100 105 110

60

65

DE 43 17 596 A1

CGT CGA GAA GCA ACT GCT GAT ATG TCG GAG GAC TTA TCA GAA GGC 0404
 Arg Arg Glu Ala Thr Ala Asp Met Ser Glu Asp Leu Ser Glu Gly
 115 120 125 5

GAA AAG GAC ATT TCA GCT CAT GGT GAT AGC ACC CGT CCT AGA TTG 0449
 Glu Lys Asp Ile Ser Ala His Gly Asp Ser Thr Arg Pro Arg Leu
 130 135 140 10

CCA AGA ATA AAT TCT CTT GAT GCT ATG GAG ACA TGG ATT AGT CAA 0494 15
 Pro Arg Ile Asn Ser Leu Asp Ala Met Glu Thr Trp Ile Ser Gln
 145 150 155

CAA AAG GAA AAA AAA CTC TAC CTT GTT TTG ATA AGT CTT CAT GGT 0539
 Gln Lys Glu Lys Lys Leu Tyr Leu Val Leu Ile Ser Leu His Gly
 160 165 170 20

TTG ATA CGA GGT GAA AAC ATG GAA CTT GGC CGT GAT TCT GAT ACT 0584
 Leu Ile Arg Gly Glu Asn Met Glu Leu Gly Arg Asp Ser Asp Thr
 175 180 185 30

GGT GGT CAG GTT AAG TAT GTG GTT GAG CTT GCA AGG GCT CTA GGT 0629 35
 Gly Gly Gln Val Lys Tyr Val Val Glu Leu Ala Arg Ala Leu Gly
 190 195 200

TCG ATG CCA GGT GTT TAT AGA GTT GAT TTG CTA ACT AGG CAA GTT 0674
 Ser Met Pro Gly Val Tyr Arg Val Asp Leu Leu Thr Arg Gln Val
 205 210 215 45

TCA TCT CCT GAC GTG GAT TGG AGT TAT GGG GAG CCT ACT GAG ATG 0719
 Ser Ser Pro Asp Val Asp Trp Ser Tyr Gly Glu Pro Thr Glu Met
 220 225 230 50

CTG AAT CCA AGG GAT TCC AAT GGT TTT GAT GAT GAT GAT GAA 0764
 Leu Asn Pro Arg Asp Ser Asn Gly Phe Asp Asp Asp Asp Glu
 235 240 245 55

60

DE 43 17 596 A1

ATG	GGA	GAG	AGT	AGT	GGT	GCT	TAC	ATT	GTT	CGT	ATA	CCA	TTT	GGG	0809	
Met	Gly	Glu	Ser	Ser	Gly	Ala	Tyr	Ile	Val	Arg	Ile	Pro	Phe	Gly		
5								250						260		
									255							
CCG	AGG	GAT	AAG	TAT	ATC	GCA	AAA	GAA	GAG	CTT	TGG	CCC	TAT	ATT	0854	
10	Pro	Arg	Asp	Lys	Tyr	Ile	Ala	Lys	Glu	Glu	Leu	Trp	Pro	Tyr	Ile	
								265						275		
									270							
CCT	GAA	TTT	GTT	GAT	GGT	GCT	CTA	AAC	CAC	ATA	GTT	CAA	ATG	TCC	0899	
15	Pro	Glu	Phe	Val	Asp	Gly	Ala	Leu	Asn	His	Ile	Val	Gln	Met	Ser	
								280						290		
									285							
AAA	GTT	TTA	GGT	GAG	CAA	ATT	GGT	AGC	GGG	GAA	ACA	GTT	TGG	CCA	0944	
20	Lys	Val	Leu	Gly	Glu	Gln	Ile	Gly	Ser	Gly	Glu	Thr	Val	Trp	Pro	
								295						305		
GTG	GCC	ATT	CAT	GGA	CAT	TAT	GCT	GAT	GCT	GGT	GAT	TCT	GCT	GCT	0989	
25	Val	Ala	Ile	His	Gly	His	Tyr	Ala	Asp	Ala	Gly	Asp	Ser	Ala	Ala	
								310						320		
CTT	CTT	TCT	GGT	GGC	CTA	AAT	GTT	CCA	ATG	CTT	TTA	ACG	GGG	CAT	1034	
30	Leu	Leu	Ser	Gly	Gly	Leu	Asn	Val	Pro	Met	Leu	Leu	Thr	Gly	His	
								325						335		
TCT	CTT	GGC	CGA	GAC	AAG	TTA	GAG	CAG	CTC	CTC	AAA	CAG	GGT	CGA	1079	
40	Ser	Leu	Gly	Arg	Asp	Lys	Leu	Glu	Gln	Leu	Leu	Lys	Gln	Gly	Arg	
								340						350		
ATG	TCT	AAA	GAT	GAC	ATA	AAC	AAT	ACA	TAC	AAA	ATA	ATG	CGT	AGG	1124	
50	Met	Ser	Lys	Asp	Asp	Ile	Asn	Asn	Thr	Tyr	Lys	Ile	Met	Arg	Arg	
								355						365		
ATA	GAA	GCC	GAA	GAG	TTA	TCA	CTT	GAT	GCC	TCT	GAG	ATA	GTC	ATA	1169	
55	Ile	Glu	Ala	Glu	Glu	Leu	Ser	Leu	Asp	Ala	Ser	Glu	Ile	Val	Ile	
								370						380		

DE 43 17 596 A1

ACT AGT ACA AGA CAA GAA ATA GAA GAG CAA TGG CAC CTC TAT GAT 1214
 Thr Ser Thr Arg Gln Glu Ile Glu Glu Gln Trp His Leu Tyr Asp
 385 390 395

5
 GGG TTT GAT CCT GTG CTA GAA CGT AAA CTC CGT GCT AGG ATG AAG 1259
 Gly Phe Asp Pro Val Leu Glu Arg Lys Leu Arg Ala Arg Met Lys
 400 405 410

10
 CGT GGT GTA AGC TGT TAT GGA AGG TTC ATG CCC CCG ATG GTT GTT 1304
 Arg Gly Val Ser Cys Tyr Gly Arg Phe Met Pro Arg Met Val Val
 415 420 425

20
 ATT CCT CCT GGA ATG GAA TTC AAT CAT ATT GTT CCA CAT GAG GGT 1349
 Ile Pro Pro Gly Met Glu Phe Asn His Ile Val Pro His Glu Gly
 430 435 440

30
 GAT ATG GAT GGT GAA ACA GAA GAA ACT GAA GAG CAT CCT ACA TCA 1394
 Asp Met Asp Gly Glu Thr Glu Glu Thr Glu Glu His Pro Thr Ser
 445 450 455

35
 CCT GAT CCA CCT ATC TGG GCT GAG ATT ATG CGC TTC TTT TCT AAA 1439
 Pro Asp Pro Pro Ile Trp Ala Glu Ile Met Arg Phe Phe Ser Lys
 460 465 470

40
 CCA AGG AAG CCA ATG ATA CTT GCC CTT GCT AGG CCT GAC CCG AAG 1484
 Pro Arg Lys Pro Met Ile Leu Ala Leu Ala Arg Pro Asp Pro Lys
 475 480 485

45
 AAG AAT ATC ACG ACT TTG GTC AAA GCA TTT GGA GAA TGC CGT CCA 1529
 Lys Asn Ile Thr Thr Leu Val Lys Ala Phe Gly Glu Cys Arg Pro
 490 495 500

50
 CTA AGG GAG CTA GCT AAT CTT ACT CTT ATA ATG GGT AAC CGA GAT 1574
 Leu Arg Glu Leu Ala Asn Leu Thr Leu Ile Met Gly Asn Arg Asp
 505 510 515

DE 43 17 596 A1

	GGT ATT GAC GAG ATG TCA AGC ACC AGT TCT TCA GTT CTC CTG TCA	1619
	Gly Ile Asp Glu Met Ser Ser Thr Ser Ser Val Leu Leu Ser	
5	520	525
		530
	GTG CTT AAG CTA ATT GAT CAA TAC GAC CTT TAT GGT CAA GTA GCA	1664
10	Val Leu Lys Leu Ile Asp Gln Tyr Asp Leu Tyr Gly Gln Val Ala	
	535	540
		545
15	TAC CCC AAA CAT CAC AAG CAA GCT GAT GTT CCT GAG ATT TAT CGT	1709
	Tyr Pro Lys His His Lys Gln Ala Asp Val Pro Glu Ile Tyr Arg	
	550	555
20		600
	TTG GCA GCA AAG ACA AAG GGA GTC TTT ATT AAT CCA GCT TTT ATT	1754
	Leu Ala Ala Lys Thr Lys Gly Val Phe Ile Asn Pro Ala Phe Ile	
25	605	610
		615
30	GAG CCA TTT GGG CTG ACT CTA ATA GAG GCA GCA GCT CAT GGT TTA	1799
	Glu Pro Phe Gly Leu Thr Leu Ile Glu Ala Ala Ala His Gly Leu	
	620	625
		630
35	CCG ATG GTT GCT ACG AAA AAT GGA GGC CCT GTT GAT ATC CAG AGG	1844
	Pro Met Val Ala Thr Lys Asn Gly Gly Pro Val Asp Ile Gln Arg	
	635	640
40		645
	GTC CTT GAT AAT GGT CTT CTT GTG GAT CCT CAT GAG CAG CAG TCT	1889
	Val Leu Asp Asn Gly Leu Leu Val Asp Pro His Glu Gln Gln Ser	
45	650	655
		660
50	ATT GCT ACT GCT TTG CTG AAG CTT GTT GCT GAT AAG CAA CTA TGG	1934
	Ile Ala Thr Ala Leu Leu Lys Leu Val Ala Asp Lys Gln Leu Trp	
	665	670
		675
55	ACA AAA TGC CAG CAA AAT GGA CTG AAA AAT ATT CAT CTC TAC TCT	1979
	Thr Lys Cys Gln Gln Asn Gly Leu Lys Asn Ile His Leu Tyr Ser	
60	680	685
		690

DE 43 17 596 A1

TGG CCA GAG CAT TCG AAG ACA TAC CTA TCT CGA ATA GCC AGT TCG 2024
 Trp Pro Glu His Ser Lys Thr Tyr Leu Ser Arg Ile Ala Ser Ser
 695 700 705 5

AGA CAA AGG CAA CCA CAG TGG CAA AGA AGT AGT GAT GAA GGG CTT 2069
 Arg Gln Arg Gln Pro Gln Trp Gln Arg Ser Ser Asp Glu Gly Leu
 710 715 720 10

GAC AAT CAA GAG CCT GAA TCT CCA AGT GAT TCT TTA AGA GAT ATA 2114 15
 Asp Asn Gln Glu Pro Glu Ser Pro Ser Asp Ser Leu Arg Asp Ile
 725 730 735 20

AAG GAT ATA TCT CTA AAC CTT GAA GTT CTC GTT AGA CCG GAG AAA 2159
 Lys Asp Ile Ser Leu Asn Leu Glu Val Leu Val Arg Pro Glu Lys
 740 745 750 25

AGG GTG AAG ACG TTG AAA ATC TTG GGA TTG ATG ACA AAA GCA AAT 2204
 Arg Val Lys Thr Leu Lys Ile Leu Gly Leu Met Thr Lys Ala Asn
 755 760 765 30

TCG AGA ATG CTG TTA TGT TCA TGG TCT AAT GGT GTC CAT AAG ATG 2249 35
 Ser Arg Met Leu Leu Cys Ser Trp Ser Asn Gly Val His Lys Met
 770 775 780 40

CTT CGG AAG GCT CGG TTC TCT GAC AAA GTA GAT CAG GCT TCT AGT 2294
 Leu Arg Lys Ala Arg Phe Ser Asp Lys Val Asp Gln Ala Ser Ser
 785 790 795 45

AAA TAT CCA GCA TTT AGG AGG AGA AAA CTT ATA TAT GTT ATT GCT 2339
 Lys Tyr Pro Ala Phe Arg Arg Arg Lys Leu Ile Tyr Val Ile Ala
 800 805 810 50

GTA GAC GGG GAT TAT GAA GAT GGA CTT TTT GAT ATT GTT CGG AGG 2384
 Val Asp Gly Asp Tyr Glu Asp Gly Leu Phe Asp Ile Val Arg Arg
 815 820 825 55

60

DE 43 17 596 A1

	ATA TTT GAT GCT GCT GGC AAG GAG AAG ATT GAA GGT TCC ATC GGG	2429
	Ile Phe Asp Ala Ala Gly Lys Glu Lys Ile Glu Gly Ser Ile Gly	
5	830	835
		840
	TTT ATA TTG TCA ACA TCC TAT TCT ATG CCC GAA ATT CAG AAC TAT	2474
10	Phe Ile Leu Ser Thr Ser Tyr Ser Met Pro Glu Ile Gln Asn Tyr	
	845	850
		855
15	TTG CTA TCA AAA GGC TTC AAT CTT CAT GAT TTT GAT GCA TAT ATA	2519
	Leu Leu Ser Lys Gly Phe Asn Leu His Asp Phe Asp Ala Tyr Ile	
	860	865
		870
20		
	TGC AAC AGT GGG AGT GAG TTG TAC TAT TCA TCT TTG AAC TCA GAG	2564
	Cys Asn Ser Gly Ser Glu Leu Tyr Tyr Ser Ser Leu Asn Ser Glu	
25	875	880
		885
	GAG AGT AAT ATT ATA GCA GAT TCA GAT TAC CAT TCA CAC ATA GAG	2609
30	Glu Ser Asn Ile Ile Ala Asp Ser Asp Tyr His Ser His Ile Glu	
	890	895
		900
35	TAC AGA TGG GGT GGA GAA GGC CTT AGA AGG ACT TTG CTT CGC TGG	2654
	Tyr Arg Trp Gly Gly Glu Gly Leu Arg Arg Thr Leu Leu Arg Trp	
	905	910
		915
40		
	GCA GCT TCC ATC ACA GAA AAA AAT GGT GAA AAC GAA GAA CAG GTT	2699
	Ala Ala Ser Ile Thr Glu Lys Asn Gly Glu Asn Glu Glu Gln Val	
45	920	925
		930
50	ATT ACT GAA GAT GAA GAA GTT TCT ACG GGT TAT TGC TTT GCG TTT	2744
	Ile Thr Glu Asp Glu Glu Val Ser Thr Gly Tyr Cys Phe Ala Phe	
	935	940
		945
55	AAA ATA AAG AAC CAA AAT AAG GTT CCC CCT ACG AAG GAG CTC CGC	2789
	Lys Ile Lys Asn Gln Asn Lys Val Pro Pro Thr Lys Glu Leu Arg	
60	950	955
		960

DE 43 17 596 A1

AAG TCA ATG AGG ATT CAA GCT CTT CGT TGC CAT GTG ATT TAC TGT 2834
 Lys Ser Met Arg Ile Gln Ala Leu Arg Cys His Val Ile Tyr Cys
 965 970 975 5

CAG AAC GGA TCT AAA ATG AAT GTG ATT CCA GTA CTA GCA TCC CGT 2879
 Gln Asn Gly Ser Lys Met Asn Val Ile Pro Val Leu Ala Ser Arg 10
 980 985 990

TCT CAA GCC CTC AGG TAT CTT TAT GTT CGT TGG GGA GTT GAG TTG 2924 15
 Ser Gln Ala Leu Arg Tyr Leu Tyr Val Arg Trp Gly Val Glu Leu
 995 1000 1005 20

TCG AAG ATG GTT GTC TTT GTT GGA GAA TGT GGT GAC ACA GAT TAT 2969
 Ser Lys Met Val Val Phe Val Gly Glu Cys Gly Asp Thr Asp Tyr
 1010 1015 1020 25

GAA GGC TTG CTT GGC GGG GTC CAT AAA ACC GTA ATA CTG AAG GGA 3014
 Glu Gly Leu Leu Gly Val His Lys Thr Val Ile Leu Lys Gly 30
 1025 1030 1035

GTC TCC AAC ACT GCT TTA AGG TCT CTC CAT GCC AAC AGA AGT TAC 3059 35
 Val Ser Asn Thr Ala Leu Arg Ser Leu His Ala Asn Arg Ser Tyr
 1040 1045 1050 40

CCT CTT TCA CAT GTC GTG TCG CTT GAC AGC CCC AAT ATT GCC GAG 3104
 Pro Leu Ser His Val Val Ser Leu Asp Ser Pro Asn Ile Gly Glu 45
 1055 1060 1065

GTG AGC AAA GGG TGC AGC AGC TCC GAG ATC CAG TCC ATC GTC ACA 3149 50
 Val Ser Lys Gly Cys Ser Ser Ser Glu Ile Gln Ser Ile Val Thr
 1070 1075 1080

AAA CTC TCC AAA GCT TAA TCAGATATCT GCTGCTTCT TTTGGTAAG 3197 55
 Lys Leu Ser Lys Ala End
 1085 60

DE 43 17 596 A1

CAAGGTTCA TCTTATATGA TTATATCATA AGATACTATA TAAGCACCTT	3247
5 ATTGGTAAGT CAGTCCCATA ATAATAATGT ACTTCAGAAC CACAATACTT	3297
AAAAGTTGGT TCAGTAGTGA TTAGTCTCAT AATAATCATA TAATTACACA	3347
10 TCCGCTGTTA ACTAGTGGTA ATATCTAAC TCAACAATAA AGATGTAAAA	3397
15 TGCTAGTATG GAAATGAATT GCTAGCTGTT GATCTCTTC CCTTTATTCT	3447
20 GTATTATTC TTTCCTCATC TCATGTAAAA ACAATTTCT GAAGGTGTAC	3497
AGTTTTTCC CCTTATATAT CTGTATTATT TCTACTATTT TTTGTTGTA	3547
25 AGAATATCCT CTCATCGAGG AGTGATAATT AAATAACCGG CTTGCTAAAT	3597
30 ATAAAGCTTA TTCGAGTTAA AAAAAAAAAA AAAAAAAA	3635

Die Saccharose-Synthase hat die folgende Nukleotidabfolge (Seq. ID Nr. 4):

35 CT GCA GGA GGG AAA CAA ATT CTT AGC GAT GGC CCG TTT AGC GAA	0044
Ala Gly Gly Lys Gln Ile Leu Ser Asp Gly Pro Phe Ser Glu	
5 10	
40 GTT CTT AGG TCT GCT CAG GAA GCA ATA GTT GTT CCT CCC TTT GTT	0089
Val Leu Arg Ser Ala Gln Glu Ala Ile Val Val Pro Pro Phe Val	
45 15 20 25	
50 GCT ATA GCA GTC CGT CCA AGA CCT GGA GTT TGG GAA TAT GTT CGT	0134
Ala Ile Ala Val Arg Pro Arg Pro Gly Val Trp Glu Tyr Val Arg	
30 35 40	
55 GTT AAT GTC TCT GAA CTG AAT GTG GAG CAG CTA ACT GTG TCT GAG	0179
Val Asn Val Ser Glu Leu Asn Val Glu Gln Leu Thr Val Ser Glu	
45 50 55	

60

65

DE 43 17 596 A1

TAT CTC CAT TTC AAG GAA GAA CTT GTG GAT GGA AAG GCT GAT GAC	0224		
Tyr Leu His Phe Lys Glu Glu Leu Val Asp Gly Lys Ala Asp Asp			
60	65	70	5
CAC TAT GTG CTT GAG CTT GAT TTC GAG CCT TTT AAT GAA TCA GTT	0269		
His Tyr Val Leu Glu Leu Asp Phe Glu Pro Phe Asn Glu Ser Val			
75	80	85	10
CCA CGT CCA ACT CGC TCT TCA TCA ATT GGT AAT GGT GTT CAG TTC	0314		
Pro Arg Pro Thr Arg Ser Ser Ile Gly Asn Gly Val Gln Phe			
90	95	100	15
CTC AAT CGG CAC CTG TCA TCA AGC ATG TTC TGC AAC AAA GAT TGC	0359		
Leu Asn Arg His Leu Ser Ser Met Phe Cys Asn Lys Asp Cys			
105	110	115	20
TTG GAG CCG TTA CTT GAT TTT CTT AGA GTG CAC AAA CAT AAA GGA	0404		
Leu Glu Pro Leu Leu Asp Phe Leu Arg Val His Lys His Lys Gly			
120	125	130	30
GTT GTC ATG ATG TTG AAT GAT CGG ATA CAG ACT ATC CAG CGT CTT	0449		
Val Val Met Met Leu Asn Asp Arg Ile Gln Thr Ile Gln Arg Leu			
135	140	145	35
CAG TCT GCA TTG TCT AAA GCT GAG GAT TAT CTT ATC AAA CTT CCA	0494		
Gln Ser Ala Leu Ser Lys Ala Glu Asp Tyr Leu Ile Lys Leu Pro			
150	155	160	45
GCA GAT ACA CCT TAC TCT GAG TTC GAA TTT GTA ATC CAA GGT ATG	0539		
Ala Asp Thr Pro Tyr Ser Glu Phe Glu Phe Val Ile Gln Gly Met			
165	170	175	50
GGT TTT GAA AGA GGC TGG GGT GAT ACT GCT GAA AGG GTT CTA GAA	0584		
Gly Phe Glu Arg Gly Trp Gly Asp Thr Ala Glu Arg Val Leu Glu			
180	185	190	60

DE 43 17 596 A1

	ATG ATG CAT CTA CTA GAT ATC CTT CAG GCT CCC GAT CCG TCT	0629
5	Met Met His Leu Leu Leu Asp Ile Leu Gln Ala Pro Asp Pro Ser	
	195 200 205	
	ACA TTA GAG ACA TTT CTG GGA AGA CTT CCC ATG GTG TTT AAT GTG	0674
10	Thr Leu Glu Thr Phe Leu Gly Arg Leu Pro Met Val Phe Asn Val	
	210 215 220	
15	GTC ATT TTG TCT GTA CAT GGA TAT TTT GGA CAG GCA CAT GTG CTC	0719
	Val Ile Leu Ser Val His Gly Tyr Phe Gly Gln Ala His Val Leu	
	225 230 235	
20	GGC TTG CCT GAC ACT GGT GGG CAG ATA GTT TAT ATA CTT GAC CAA	0764
	Gly Leu Pro Asp Thr Gly Gly Gln Ile Val Tyr Ile Leu Asp Gln	
25	240 245 250	
30	GTG CGG TCT CTG GAA CAT GAA ATG CTC CAA CGA ATA AAG AAG CAA	0809
	Val Arg Ser Leu Glu His Glu Met Leu Gln Arg Ile Lys Lys Gln	
	255 260 265	
35	GGA CTA GAT GTG ACT CCT AGA ATT CTT ATC GTG AGT CGG TTG ATT	0854
	Gly Leu Asp Val Thr Pro Arg Ile Leu Ile Val Ser Arg Leu Ile	
	270 275 280	
40	CCT GAC GCT AAA GGG ACC ACG TGC AAT CAA CGT ATG GAG AAA GTC	0899
	Pro Asp Ala Lys Gly Thr Thr Cys Asn Gln Arg Met Glu Lys Val	
45	285 290 295	
50	AGT GGA ACA GAG CAT GCT AGT ATC CTG AGA GTT CCT TTC CGA TCA	0944
	Ser Gly Thr Glu His Ala Ser Ile Leu Arg Val Pro Phe Arg Ser	
	300 305 310	
55	GAG AAA GGA ATC CTC CGC AAA TGG ATA TCT AGA TTT GAT GTA TGG	0989
	Glu Lys Gly Ile Leu Arg Lys Trp Ile Ser Arg Phe Asp Val Trp	
60	315 320 325	

DE 43 17 596 A1

CCT TAT TTA GAG ACC TTC ACT GAG GAT GCA GCT GGT GAA ATT ATT			1034
Pro Tyr Leu Glu Thr Phe Thr Glu Asp Ala Ala Gly Glu Ile Ile			
330	335	340	5
GGC GAG TTG CAG GGT CGT CCA GAT CTG ATA ATT GGC AAC TAC AGC			1079
Gly Glu Leu Gln Gly Arg Pro Asp Leu Ile Ile Gly Asn Tyr Ser			
345	350	355	10
GAT GGG AAT ATA GTT GCT TCT TTA TTG TCC CAC AAA ATG GGT GTC			1124
Asp Gly Asn Ile Val Ala Ser Leu Leu Ser His Lys Met Gly Val			
360	365	370	15
ACC CAG TGC AAT ATA GCC CAT GCA TTG GAG AAA ACC AAG TAT CCA			1169
Thr Gln Cys Asn Ile Ala His Ala Leu Glu Lys Thr Lys Tyr Pro			
375	380	385	20
GAT TCT GAT ATT TAC TGG AAA AGA TTT GAG GAC AAA TAT CAC TTC			1214
Asp Ser Asp Ile Tyr Trp Lys Arg Phe Glu Asp Lys Tyr His Phe			
390	395	400	25
TCG TGT CAA TTT TCA GCT GAC TTG ATG GCA ATG AAT CAT GCT GAT			1259
Ser Cys Gln Phe Ser Ala Asp Leu Met Ala Met Asn His Ala Asp			
405	410	415	30
TTC ATC ATT ACG AGT ACT TAC CAA GAG ATA GCT GGA ACG AAG AAT			1304
Phe Ile Ile Thr Ser Thr Tyr Gln Glu Ile Ala Gly Thr Lys Asn			
420	425	430	35
ACT GTT GGT CAA TAT GAA AGC CAT AAG GCC TTT ACT TTT CCG GGG			1349
Thr Val Gly Gln Tyr Glu Ser His Lys Ala Phe Thr Phe Pro Gly			
435	440	445	40
CTG TAT CGG GTG GTT CAC GGG ATT GAT GTC TTT GAT CCC AAG TTT			1394
Leu Tyr Arg Val Val His Gly Ile Asp Val Phe Asp Pro Lys Phe			
450	455	460	45
			50
			55
			60
			65

DE 43 17 596 A1

AAT ATT GTC TCG CCA GGG GCA GAC ATG GCC ATC TAC TTC CCA TTT		1439
Asn Ile Val Ser Pro Gly Ala Asp Met Ala Ile Tyr Phe Pro Phe		
5 465	470	475
TCA GAG AAG GAT GTC ACC TGT CTC ACT TCA CTT CAT AGA CTT ATA		1484
Ser Glu Lys Asp Val Thr Cys Leu Thr Ser Leu His Arg Leu Ile		
10 480	485	490
GAG CAG CTC CTA TTC AAA CCT GAG CAG AAC GAA GAA CAC ATT GGT		1529
Glu Gln Leu Leu Phe Lys Pro Glu Gln Asn Glu Glu His Ile Gly		
15 495	500	505
GTA TTA GAT GAT ACC TCA AAG CCA ATT ATA TTT TCC ATG GCG AGG		1574
Val Leu Asp Asp Thr Ser Lys Pro Ile Ile Phe Ser Met Ala Arg		
20 510	515	520
CTA GAC CGT GTG AAG AAT ATA ACA GGG CTG GTA GAG TGC TAT GGC		1619
Leu Asp Arg Val Lys Asn Ile Thr Gly Leu Val Glu Cys Tyr Gly		
25 525	530	535
AAG AAT GCG AAA CTC AGG GAA CTG GCA AAC CTG GTT GTA GTG GCT		1664
Lys Asn Ala Lys Leu Arg Glu Leu Ala Asn Leu Val Val Val Ala		
30 540	545	550
GGG TAC AAT GAT GTA AAA AAG TCG AAT GAC AGG GAG GAA ATT GCC		1709
Gly Tyr Asn Asp Val Lys Lys Ser Asn Asp Arg Glu Glu Ile Ala		
35 555	560	565
GAA ATC GAG AAG ATG CAC AGG CTT ATA CAG GAG TAT AAT TTA AGA		1754
Glu Ile Glu Lys Met His Arg Leu Ile Gln Glu Tyr Asn Leu Arg		
40 570	575	580
GGA CAA TTT CGC TGG ATT GCT TCT CAA ACA AAT AGA GTA CGA AAT		1799
Gly Gln Phe Arg Trp Ile Ala Ser Gln Thr Asn Arg Val Arg Asn		
45 585	590	595

DE 43 17 596 A1

GGT GAA CTC TAT CGC TAC ATT TGT GAC AAA GGA GGT ATT TTT GCG 1844
 Gly Glu Leu Tyr Arg Tyr Ile Cys Asp Lys Gly Gly Ile Phe Ala
 600 605 610 5

CAG CCT GCA TTT TAT GAA GCA TTT GGG CTT ACA GTT GAA GCC 1889
 Gln Pro Ala Phe Tyr Glu Ala Phe Gly Leu Thr Val Val Glu Ala
 615 620 625 10

ATG ACC TGT GGT CTT CCC ACA TTT GCT ACC TGC CAC GGT GGT CCA 1934 15
 Met Thr Cys Gly Leu Pro Thr Phe Ala Thr Cys His Gly Gly Pro
 630 635 640 20

GCT GAG ATT ATA GAA GAC GGT GTT TCA GGA TTT CAT ATC GAT CCA 1979
 Ala Glu Ile Ile Glu Asp Gly Val Ser Gly Phe His Ile Asp Pro
 645 650 655 25

TAT CAT GCT GAT CAG GCA GAA AAA ATG ACT GAA TTC TTT GTC AAG 2024
 Tyr His Ala Asp Gln Ala Glu Lys Met Thr Glu Phe Phe Val Lys
 660 665 670 30

TGC AGA GAG GAT CCA AAC TAC TGG ACT AAA ATC TCT GCA GGA GGG 2069 35
 Cys Arg Glu Asp Pro Asn Tyr Trp Thr Lys Ile Ser Ala Gly Gly
 675 680 685 40

TTA CTA AGG ATC AAA GAA AGA TAT ACC TGG CAA AAG TAT TCT GAA 2114
 Leu Leu Arg Ile Lys Glu Arg Tyr Thr Trp Gln Lys Tyr Ser Glu
 690 695 700 45

AGG TTA ATG ACA TTG GCA GGG GTG TAT GGT TTC TGG AAA TAT GTC 2159 50
 Arg Leu Met Thr Leu Ala Gly Val Tyr Gly Phe Trp Lys Tyr Val
 705 710 715

TCT AAA CTA GAG AGA AGA GAG ACA CGA CGT TAT CTT GAG ATG TTC 2204 55
 Ser Lys Leu Glu Arg Arg Glu Thr Arg Arg Tyr Leu Glu Met Phe
 720 725 730 60

	TAC ATT TTG AAG TTC CGT GAT CTG GCC AAC TCT GTT CCG CTG GCA	2249
	Tyr Ile Leu Lys Phe Arg Asp Leu Ala Asn Ser Val Pro Leu Ala	
5	735 740 745	
10	ACA GAT GAA GAG CCT TCT ACT ACT GAT GCA GTT GCG ACA TTC CGT	2294
	Thr Asp Glu Glu Pro Ser Thr Thr Asp Ala Val Ala Thr Phe Arg	
	750 755 760	
15	GGA CCT TGA ACGCTGCTGC TTACTGAGGT TCCAAGTTGT GTATATATTA	2343
	Gly Pro End	
20	CTGTGAAAGG AATAAGTGTA GCTACACAAA AGGTTCTCAA CTATTAGTAT	2393
25	CTTCTCTGTG TAAATAACGA GAGTGAAAAA TGTAATATTG TTGATGTCTT	2443
	GAAAAGTGTAG TTTGCTTTGT TTATTTTAA GTGTATGACA ATATGTATCA	2493
30	TATAACGGAT TCTTCAGTGA TCATATCAA AACTACTGAC CATCGAAGTT	2543
35	AATGAAAATC GACAGCAACA	2563

Diese Sequenzen können in einem geeigneten Plasmid auch untereinander kombiniert werden, was zu einer Kombination der einzelnen, durch die Expression der Proteine bedingten Merkmale in der Pflanze führt.

Der Promotor soll sicherstellen, daß das fremde Gen in der Pflanze exprimiert wird. Der Promotor kann dabei so gewählt sein, daß die Expression nur in einem bestimmten Gewebe, zu einem bestimmten Zeitpunkt der Pflanzenentwicklung oder zu einem durch äußere Einflüsse determinierten Zeitpunkt erfolgt. Der Promotor kann homolog oder heterolog in Bezug auf die Pflanze sein. Sinnvoll ist die Verwendung von Promotoren sind wie z. B. des Promotors der 35S RNA des Cauliflower-Mosaik Virus, des Patatin-Promotors B33 (Rocha-Sosa et al. (1989) EMBO J 8 : 23–29) oder eines Promotors, der eine Expression lediglich in photosynthetisch aktiven Geweben sicherstellt. Weiterhin können Promotoren verwendet werden, die eine Expression lediglich in bestimmten Organen wie Wurzel, Rübe, Knolle, Samen, Stamm oder bestimmten Zelltypen wie Mesophyll, Epidermis, Geleitzellen u.ä. sicherstellen.

Die hier beschriebenen kodierenden Sequenzen enthalten die vollständige Information zur Bildung einer Boten-Ribonukleinsäure (mRNA) für die die große Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphorylase und der Saccharosephosphat-Synthase (SPS) und einen Teil der Information zur Bildung der kleinen Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphorylase sowie der Saccharosesynthase, die zur Bildung von anti-sense Ribonukleinsäuren zu den entsprechenden Genen geeignet sind. Ob eine translatierbare Boten-Ribonukleinsäure oder eine anti-sense Nukleinsäure gebildet wird, hängt von der Orientierung der kodierenden Sequenz bezogen auf den Promotor ab. Wenn das 3' Ende der kodierenden Sequenz an das 3' Ende des Promotors fusioniert wird, entsteht eine anti-sense RNA, bei Fusion des 5' Endes der Kodierregion an das 3' Ende des Promotors entsteht eine translatierbare RNA. Letzteres führt zu einer Steigerung der Enzymaktivität in der Zelle, ersteres zu einer Absenkung der Enzymaktivität in der Zelle.

Die kodierenden Sequenzen für die große und kleine Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphorylase, der Saccharosephosphat-Synthase und der Saccharosesynthase können denjenigen entsprechen, die in dieser Erfindung beschrieben werden, oder durch Veränderungen aus den beschriebenen Sequenzen hervorgehen. Dabei ist insbesondere an Veränderungen der Sequenzen zu denken, die zu einer Umgehung der pflanzeneigenen Regulationsmechanismen führen. Veränderungen an den erfundungsgemäßen DNA-Sequenzen lassen sich mittels bekannter Methoden, wie z. B. Basenaustausch oder zielgerichtete oder nicht-zielgerichtete Mutagenese bewirken. Die so gebildeten Derivate der erfundungsgemäßen DNA-Sequenzen sind ebenfalls Gegenstand der Erfindung. Die Terminationssequenz dient der korrekten Beendigung der Transkription und der Anheftung eines Poly-Adenyrestes an die Ribonukleinsäure. Dieser Poly-Adenyrest hat eine wichtige Funktion bei der Stabilisierung von RNA-Molekülen in der Zelle.

Mit Plasmiden, die eine oder mehrere der erfundungsgemäßen DNA-Sequenzen enthalten, können Zuckerrü-

ben transformiert werden mit dem Ziel der Erhöhung bzw. Verringerung der Enzymaktivität bzw. der Veränderung der Saccharose-Konzentration.

Zur Vorbereitung der Einführung der erfundungsgemäßen DNA-Sequenzen in Zuckerrüben sind eine große Anzahl Klonierungsvektoren verfügbar, die ein Replikationssignal für *E. coli* und einen Marker beinhalten, der eine Selektion der transformierten Zellen erlaubt.

Je nach Einführungsmethode gewünschter Gene in die Pflanze können weitere DNA-Sequenzen erforderlich sein. Werden z. B. für die Transformation der Pflanzenzelle das Ti- oder Ri-Plasmid verwendet, so muß mindestens die rechte Begrenzung, häufig jedoch die rechte und die linke Begrenzung der Ti- und Ri-Plasmid T-DNA, als Flankenbereich den einzuführenden Genen angefügt werden. Die Verwendung von T-DNA für die Transformation von Pflanzenzellen ist intensiv untersucht und ausreichend in EP 120 516; Hoekama, In: The Binary Plant Vektor System, Offset-drukkerij Kanters B.V. Alblaserdam, (1985), Chapter V; Fraley, et al., Crit. Rev. Plant Sci., 4 : 1 - 46 und An et al. (1985) EMBO J. 4 : 277 - 287 beschrieben worden. Ist die eingeführte DNA einmal im Genom integriert, so ist sie dort in der Regel stabil und bleibt auch in den Nachkommen der ursprünglich transformierten Zelle erhalten. Sie enthält normalerweise einen Selektionsmarker, der den transformierten Pflanzenzellen Resistenz gegenüber einem Biozid oder einem Antibiotikum wie Kanamycin, G 418, Bleomycin oder Hygromycin u. a. vermittelt. Der individuell verwendete Marker sollte daher die Selektion transformierter Zellen gegenüber Zellen, denen die eingefügte DNA fehlt, gestatten.

Für die Einführung von DNA in eine Pflanze stehen neben der Transformation mit Hilfe von Agrobakterien viele andere Techniken zur Verfügung. Diese Techniken umfassen die Fusion von Protoplasten, die Mikroinjektion von DNA, die Elektroporation sowie ballistische Methoden und Virusinfektion. Aus dem transformierten Pflanzenmaterial können dann in einem geeigneten Medium, welches Antibiotika oder Biozide zur Selektion enthalten kann, wieder ganze Pflanzen regeneriert werden. Die so erhaltenen Pflanzen können dann auf Anwesenheit der eingeführten DNA getestet werden. Bei der Injektion und Elektroporation sind an sich keine speziellen Anforderungen an die Plasmide gestellt. Es können einfache Plasmide wie z. B. pUC-Derivate verwendet werden. Sollen aber aus derartig transformierten Zellen ganze Pflanzen regeneriert werden, ist die Anwesenheit eines selektierbaren Markergens notwendig. Die transformierten Zellen wachsen innerhalb der Pflanzen in der üblichen Weise (siehe auch McCormick et al. (1986) Plant Cell Reports 5 : 81 - 84). Die Pflanzen können normal angezogen werden und mit Pflanzen, die die gleiche transformierte Erbanlage oder andere Erbanlagen besitzen, gekreuzt werden. Die daraus entstehenden hybriden Individuen haben die entsprechenden phänotypischen Eigenschaften.

Zum besseren Verständnis der dieser Erfindung zugrundeliegenden Ausführungsbeispiele wird vorab eine Aufstellung aller für diese Versuche notwendigen und an sich bekannten Verfahren gegeben:

1. Klonierungsverfahren

Zur Klonierung wurden die Vektoren pUC 18/19 und M13mp10 Serien (Yanisch-Perron et al. (1985) Gene 33 : 103 - 119) verwendet, sowie der Vektor EMBL 3 (Frischauf et al. (1983) J Mol Biol 170 : 827 - 842).

Für die Pflanzentransformation wurden die Genkonstruktionen in den binären Vektor BIN 19 (Bevan (1984) Nucl. Acids Res 12 : 8711 - 8720) kloniert.

2. Bakterienstämme

Für die pUC- und M13mp-Vektoren wurden die *E. coli*-Stämme BMH71-18 (Messing et al. (1977) Proc. Natl. Acad. Sci 24 : 6342 - 6346) oder TB1 benutzt.

Für den Vektor BIN 19 wurde ausschließlich der *E. coli*-Stamm TB1 benutzt. TB1 ist ein rekombinationsnegatives, Tetracyclin-resistente Deservat des Stammes JM101 (Yanisch-Perron et al. (1985) Gene 33 : 103 - 119). Der Genotyp des TB1-Stammes ist (Bart Barrel, persönliche Mitteilung): F' (traD36, proA,B, LacZα M15), Δ(lac, pro), SupE, thiS, recA, Sr1::Tn10(TcR).

Die Transformation der Plasmide in die Kartoffelpflanze wurde mit Hilfe des Agrobacterium tumefaciens-Stammes LBA4404 (Bevan (1984) Nucl. Acids Res 12 : 8711 - 8720) durchgeführt.

3. Transformation von Agrobakterium tumefaciens

Bei BIN 19 Derivaten erfolgt der Transfer der DNA in die Agrobakterien durch direkte Transformation nach der Methode von Holsters et al. (1978) (Mol Gen Genet 163 : 181 - 187). Die Plasmid-DNA transformierter Agrobakterien wurde nach der Methode von Birnboim & Doly (1979) (Nucl. Acids Res 7 : 1513 - 1523) isoliert und nach geeigneter Restriktionsspaltung gelektrophoretisch analysiert.

4. Saccharosephosphat-Synthase-Aktivitätstest

Die Saccharosephosphat-Synthase-Aktivität wurde nach Siegel und Stitt (1990, Plant Scienc 66 : 205 - 210) in einer zweistufigen Analyse bestimmt. Zu einem Volumen von 180 µl einer Lösung von 50 mM HEPES/KOH (pH 7,4), 5 mM MgCl₂, 5 mM Fruktose-6-phosphat, 25 mM Glukose-6-phosphat und 6 mM Uridin-5'-diphosphoglukose werden 20 µl Probe gegeben und für 10 Minuten bei 25°C inkubiert. Für 3 Minuten wird auf 95°C erhitzt, um die Reaktion zu beenden. Nach Zentrifugation wird der Überstand spektroskopisch bezüglich der Freisetzung von Uridin-5'-diphosphat analysiert, wobei eine mit Pyruvat-Kinase gekoppelte Enzymreaktion ausgenutzt wird. Ansätze ohne Hexosephosphat sowie die Messung der Rückgewinnung zugesetzten Uridin-5'-diphosphats dienen als Kontrollen.

Ausführungsbeispiele

Ausführungsbeispiel 1

5 Klonierung von cDNA zu großer und kleiner Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphorylase aus Zuckerrübe

Aus Speicherwurzeln von im Gewächshaus gewachsenen 3—4 Monate alten Zuckerrübenpflanzen wurde RNA nach der Methode von Logemann et al. (1987, Anal Biochem 163, 16—20) isoliert. Ausgehend von poly-A+-RNA wurde eine cDNA-Bibliothek nach der Methode von Gubler und Hoffmann (1983, Gene 25, 263) im Expressionsvektor Lambda Zap II XR angelegt. Hierzu wurde ein mit einer Xhol-Erkennungsstelle versehener Oligo-dT-primer verwendet, zur Synthese des ersten cDNA-Stranges wurden methylierte Cytidinnukleotide eingesetzt. Nach Synthese des zweiten Strangs wurde ein EcoRI-Adapter angefügt und auf einer Seite durch Schnitt mit der Restriktionsendonuklease Xhol wieder entfernt. Dabei verhindert die Hemimethylierung der cDNA, daß an internen Xhol Erkennungsstellen geschnitten wird. Durch diese Vorgehensweise entsteht eine Population von cDNA-Molekülen, die in EcoRI/Xhol geschnittene DNA des Phagen Lambda gerichtet kloniert werden können. Nach dem Verpacken rekombinanter Phagen-DNA in Phagenköpfe wurden 200 000 "Plaque forming units" der Bank zur Infektion eines Bakterienrasens ausplattiert und anschließend jeweils mit dem gesamten cDNA Fragment der großen bzw. der kleinen Untereinheit der AGPase von Kartoffel (Müller-Roeber et al., 1990, MGG 224, 136—146) als EcoRI-Fragment sondiert. Die den Hybridisierungssignalen entsprechenden rekombinanten Phagen wurden vereinzelt. Durch in vivo Excision wurden Plasmide aus dem Lambda zap-Genom ausgeschnitten, die eine doppelsträngige cDNA als Insertion tragen. Die Plasmide wurden in Bakterienzellen transformiert. Anschließend wurde die Plasmid-DNA in den Bakterien vermehrt. Nach Überprüfung der Größe der Insertionen wurden einzelne Klone durch Bestimmung der Primärsequenz analysiert.

25 Ausführungsbeispiel 2

Klonierung von cDNA zu Saccharosephosphat-Synthase (SPS) aus Zuckerrübe

Aus Speicherwurzeln von im Gewächshaus gewachsenen 3 — 4 Monate alten Zuckerrübenpflanzen wurde RNA nach der Methode von Logemann et al. (1987, Anal Biochem 163, 16—20) isoliert. Ausgehend von poly-A+-RNA wurde eine cDNA-Bibliothek nach der Methode von Gubler und Hoffmann (1983, Gene 25, 263) im Expressionsvektor Lambda Zap II XR angelegt. Hierzu wurde ein mit einer Xhol-Erkennungsstelle versehener Oligo-dT-primer verwendet, zur Synthese des ersten cDNA-Stranges wurden methylierte Cytidinnukleotide eingesetzt. Nach Synthese des zweiten Strangs wurde ein EcoRI-Adapter angefügt und auf einer Seite durch Schnitt mit der Restriktionsendonuklease Xhol wieder entfernt. Dabei verhindert die Hemimethylierung der cDNA, daß an internen Xhol Erkennungsstellen geschnitten wird. Durch diese Vorgehensweise entsteht eine Population von cDNA-Molekülen, die in EcoRI/Xhol geschnittene DNA des Phagen Lambda gerichtet kloniert werden können. Nach dem Verpacken rekombinanter Phagen-DNA in Phagenköpfe wurden 200 000 "Plaque forming units" der Bank zur Infektion eines Bakterienrasens ausplattiert und anschließend mit dem gesamten cDNA Fragment der Saccharosephosphat-Synthase (SPS) aus Spinat (Sonnewald, 1992, Planta) als NotI sondiert. Die den Hybridisierungssignalen entsprechenden rekombinanten Phagen wurden vereinzelt. Durch in vivo Excision wurden Plasmide aus dem Lambda zap-Genom ausgeschnitten, die eine doppelsträngige cDNA als Insertion tragen. Die Plasmide wurden in Bakterienzellen transformiert. Anschließend wurde die Plasmid-DNA in den Bakterien vermehrt. Nach Überprüfung der Größe der Insertionen wurden einzelne Klone durch Bestimmung der Primärsequenz analysiert.

Ausführungsbeispiel 3

50 Klonierung von cDNA zu Saccharosesynthase aus Zuckerrübe

Aus Speicherwurzeln von im Gewächshaus gewachsenen 3—4 Monate alten Zuckerrübenpflanzen wurde RNA nach der Methode von Logemann et al. (1987, Anal Biochem 163, 16—20) isoliert. Ausgehend von poly-A+-RNA wurde eine cDNA-Bibliothek nach der Methode von Gubler und Hoffmann (1983, Gene 25, 263) im Expressionsvektor Lambda Zap II XR angelegt. Hierzu wurde ein mit einer Xhol-Erkennungsstelle versehener Oligo-dT-primer verwendet, zur Synthese des ersten cDNA-Stranges wurden methylierte Cytidinnukleotide eingesetzt. Nach Synthese des zweiten Strangs wurde ein EcoRI-Adapter angefügt und auf einer Seite durch Schnitt mit der Restriktionsendonuklease Xhol wieder entfernt. Dabei verhindert die Hemimethylierung der cDNA, daß an internen Xhol Erkennungsstellen geschnitten wird. Durch diese Vorgehensweise entsteht eine Population von cDNA-Molekülen, die in EcoRI/Xhol geschnittene DNA des Phagen Lambda gerichtet kloniert werden können. Nach dem Verpacken rekombinanter Phagen-DNA in Phagenköpfe wurden 200 000 "Plaque forming units" der Bank zur Infektion eines Bakterienrasens ausplattiert und anschließend parallel mit den beiden EcoRI/BglII Subfragmenten der Saccharosesynthase aus Mais (Worrell et al., 1991, Plant Cell 3, 1121—1130) sondiert. Die den Hybridisierungssignalen entsprechenden rekombinanten Phagen wurden vereinzelt. Durch in vivo Excision wurden Plasmide aus dem Lambda zap-Genom ausgeschnitten, die eine doppelsträngige cDNA als Insertion tragen. Die Plasmide wurden in Bakterienzellen transformiert. Anschließend wurde die Plasmid-DNA in den Bakterien vermehrt. Nach Überprüfung der Größe der Insertionen wurden einzelne Klone durch Bestimmung der Primärsequenz analysiert.

Ausführungsbeispiel 4

Bestimmung der Nukleotidsequenzen von ADP-Glukose-Pyrophosphorylase, Saccharosephosphat-Synthase und Saccharosesynthase aus Zuckerrüben sowie Ableitung der entsprechenden Aminosäuresequenzen

Die Nukleotidsequenzen der nach den Ausführungsbeispielen 1–3 erhaltenen Insertionen wurden nach Standardverfahren mittels der Dideoxymethode (Sanger et al., 1977, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 74, 5463–5467) bestimmt. Die Nukleotidsequenzen und die abgeleiteten Aminosäuresequenzen sind in den Sequenzprotokollen Seq. ID Nr. 1–4 angegeben.

SEQ ID NO: 1

ART DER SEQUENZ: Nucleotide mit entsprechendem Protein

SEQUENZLÄNGE: 1924 Basenpaare

STRANGFORM: Einzelstrang

TOPOLOGIE: linear

ART DES MOLEKÜLS: cDNA

URSPRÜNGLICHE HERKUNFT

ORGANISMUS: Beta vulgaris

UNMITTELBARE EXPERIMENTELLE HERKUNFT: cDNA Bibliothek im Phagen Lamda zap

MERKMALE:

von 206 bis 1770 Kodierregion

EIGENSCHAFTEN:

ADP-Glukose-Pyrophosphorylase, große Untereinheit

SEQ ID NO: 1

SEQUENCE TYPE: Nucleotide with corresponding protein

SEQUENCE LENGTH: 1924 base pairs

STRANDEDNESS: single

TOPOLOGY: linear

MOLECULE TYPE: cDNA

ORIGINAL SOURCE

ORGANISM: Beta vulgaris

IMMEDIATE EXPERIMENTAL SOURCE: cDNA library in Phage Lamda zap

FEATURES:

from 206 to 1770 coding region

PROPERTIES: ADP-Glucose-Pyrophosphorylase, large subunit

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

DE 43 17 596 A1

	CAAAAGAAAA ACTTCCCATT TCTACTTCTT TGCACAATAT AATTTCCAC	0050
5	CAATTTTCT TTAAATTCT CACTTCATT TAATCAGTT TCAGCAACAT	0100
	TCTGATACTC GACAACCCAC TTTCTGTTCT CCCAAGATTC CAAACCTCTG	0150
10	ATTCTCATTC CACTAATATT TTTGCTTATT TTTTTCTGG ATTTAAAGAA	0200
15	AAGCT ATG GAT GCA AGT GCA GCA GCC ATA AAT GTC AAT GCC CAT Met Asp Ala Ser Ala Ala Ala Ile Asn Val Asn Ala His	0243
	5 10	
20	TTA ACA GAA GTT GGA AAG AAA CGT TTT TTA GGA GAG AGA ATC AGT Leu Thr Glu Val Gly Lys Lys Arg Phe Leu Gly Glu Arg Ile Ser	0288
25	15 20 25	
30	CAA AGT TTG AAG GGT AAA GAT CTG AGA GCT CTG TTT TCA AGA ACT Gln Ser Leu Lys Gly Lys Asp Leu Arg Ala Leu Phe Ser Arg Thr	0333
	30 35 40	
35	GAG AGC AAG GGT AGA AAT GTC AAT AAA CCT GGG GTT GCA TTT TCT Glu Ser Lys Gly Arg Asn Val Asn Lys Pro Gly Val Ala Phe Ser	0378
	45 50 55	
40	GTT CTC ACC TCA GAT TTT AAT CAA AGT GTT AAA GAA TCT TTG AAA Val Leu Thr Ser Asp Phe Asn Gln Ser Val Lys Glu Ser Leu Lys	0423
45	60 65 70	
50	TAT GAG CCA GCA TTA TTT GAA TCT CCA AAA GCT GAC CCA AAA AAT Tyr Glu Pro Ala Leu Phe Glu Ser Pro Lys Ala Asp Pro Lys Asn	0468
	75 80 85	
55	GTG GCT GCA ATT GTG CTG GGT GGT GCT GGG ACT CGC CTC TTT Val Ala Ala Ile Val Leu Gly Gly Ala Gly Thr Arg Leu Phe	0513
60	90 95 100	

DE 43 17 596 A1

CCT CTT ACT AGC AGG AGA GCT AAG CCA GCA GTG CCA ATT GGA GGG 0558
 Pro Leu Thr Ser Arg Arg Ala Lys Pro Ala Val Pro Ile Gly Gly
 105 110 115

5

TGT TAC AGG CTG ATT GAT GTG CCT ATG AGC AAC TGC ATC AAC AGT 0603
 Cys Tyr Arg Leu Ile Asp Val Pro Met Ser Asn Cys Ile Asn Ser
 120 125 130

10

GGC ATT AGA AAG ATT TTC ATT CTT ACC CAG TTC AAT TCG TTT TCG 0648 15
 Gly Ile Arg Lys Ile Phe Ile Leu Thr Gln Phe Asn Ser Phe Ser
 135 140 145

20

CTT AAT CGT CAT CTT GCT CGA ACC TAT AAT TTT GGA GAT GGT GTG 0693
 Leu Asn Arg His Leu Ala Arg Thr Tyr Asn Phe Gly Asp Gly Val
 150 155 160

25

AAT TTT GGG GAT GGC TTT GTG GAG GTT TTT GCT GCT ACA CAA ACA 0738
 Asn Phe Gly Asp Gly Phe Val Glu Val Phe Ala Ala Thr Gln Thr
 165 170 175

30

CCT GGA GAA TCA GGA AAG AAA TGG TTC CAG GGC ACC GCT GAT GCA 0783 35
 Pro Gly Glu Ser Gly Lys Lys Trp Phe Gln Gly Thr Ala Asp Ala
 180 185 190

40

GTA AGA CAG TTT TTC TGG GCA TTT GAG GAT TCC AAA TCC AAG GAT 0828
 Val Arg Gln Phe Phe Trp Ala Phe Glu Asp Ser Lys Ser Lys Asp
 195 200 205

45

GTC GAG CAT ATA GTT ATT TTA TCC GGT GAT CAT CTT TAC CGA ATG 0873 50
 Val Glu His Ile Val Ile Leu Ser Gly Asp His Leu Tyr Arg Met
 210 215 220

55

GAT TAC ATG AGT TTT TGG CAG AAG CAC ATT GAC ACC AAT GCT GAT 0918
 Asp Tyr Met Ser Phe Trp Gln Lys His Ile Asp Thr Asn Ala Asp
 225 230 235

60

65

DE 43 17 596 A1

ATT ACA GTG TCA TGC ATA CCC ATG GAT GAC AGC CGT GCA TCG GAT		0963
Ile Thr Val Ser Cys Ile Pro Met Asp Asp Ser Arg Ala Ser Asp		
5 240	245	250
TAT GGG CTG ATG AAG ATT GAT CAC ACT GGA CGC ATT GTC CAT TTT		1008
Tyr Gly Leu Met Lys Ile Asp His Thr Gly Arg Ile Val His Phe		
10 255	260	265
GCA GAA AAA CCC AAG GGT TCT GAT CTA ACA GCA ATG CAA GTA GAT		1053
Ala Glu Lys Pro Lys Gly Ser Asp Leu Thr Ala Met Gln Val Asp		
15 270	275	280
ACA ACT GTT CTT GGG CTC TCT GAC CTT GAA GCT ATG TCA AAT CCA		1098
Thr Thr Val Leu Gly Leu Ser Asp Leu Glu Ala Met Ser Asn Pro		
20 285	290	295
TAT ATT GCA TCA ATG GGT GTT TAT GTC TTT CGA ACG GAT GTT CTT		1143
Tyr Ile Ala Ser Met Gly Val Tyr Val Phe Arg Thr Asp Val Leu		
25 300	305	310
ATG GAG CTT CTC AAT CGA AAA TAC CCT TCA AGC AAT GAT TTT GGC		1188
Met Glu Leu Leu Asn Arg Lys Tyr Pro Ser Ser Asn Asp Phe Gly		
30 315	320	325
TCT GAG ATT ATT CCT TCA GCT GTA GGA GAG TCT AAT GTT CAG GCA		1233
Ser Glu Ile Ile Pro Ser Ala Val Gly Glu Ser Asn Val Gln Ala		
35 330	335	340
TAT CTA TTT AAT GAC TAC TGG GAG GAT ATC GGA ACC ATA AAG TCT		1278
Tyr Leu Phe Asn Asp Tyr Trp Glu Asp Ile Gly Thr Ile Lys Ser		
40 345	350	355
TTC TTT GAT TCC AAT TTG GCC CTT ACA CAA CAG CCT CCC AAG TTT		1323
Phe Phe Asp Ser Asn Leu Ala Leu Thr Gln Gln Pro Pro Lys Phe		
45 360	365	370

DE 43 17 596 A1

GAA TTC TAC GAT CCA AAA ACA CCT TTT TAT ACA TCT GCA AGA TTT 1368

Glu Phe Tyr Asp Pro Lys Thr Pro Phe Tyr Thr Ser Ala Arg Phe

375

380

385

5

CTG CCT CCT ACA AAA GTC GAC AGG TGC AAG ATT GTC GAT TCC ATT 1413

Leu Pro Pro Thr Lys Val Asp Arg Cys Lys Ile Val Asp Ser Ile

390

395

400

10

GTA TCC CAT GGT TGT TTT CTA CAG GAG TCT AGC ATC CAA CAT TCC 1458

Val Ser His Gly Cys Phe Leu Gln Glu Ser Ser Ile Gln His Ser

405

410

415

15

ATT GTT GGT GTT CGC TCA AGA TTA GAG TCC GGG GTT GAG TTC CAG 1503

Ile Val Gly Val Arg Ser Arg Leu Glu Ser Gly Val Glu Phe Gln

420

425

430

20

GAC ACC ATG ATG ATG GGC GCA GAT TAC TAT CAA ACT GAA TCA GAA 1548

Asp Thr Met Met Met Gly Ala Asp Tyr Tyr Gln Thr Glu Ser Glu

435

440

445

30

ATT GCT TCT CTG CTT GCT GAG GGA AAG GTT CCT GTT GGT GTC GGA 1593

Ile Ala Ser Leu Leu Ala Glu Gly Lys Val Pro Val Gly Val Gly

450

455

460

35

40

CAG AAT ACC AAA ATA AAG AAT TGC ATA ATT GAC AAG AAC GCC AAA 1638

Gln Asn Thr Lys Ile Lys Asn Cys Ile Ile Asp Lys Asn Ala Lys

465

470

475

45

ATT GGA AAA GAT GTG GTA ATC GCA AAC ACG GAT GGT GTT GAG GAA 1683

Ile Gly Lys Asp Val Val Ile Ala Asn Thr Asp Gly Val Glu Glu

480

485

490

50

55

GCA GAT AGA CCA AAT GAA GGC TTT TAC ATC AGG TCG GGC ATT ACC 1728

Ala Asp Arg Pro Asn Glu Gly Phe Tyr Ile Arg Ser Gly Ile Thr

495

500

505

60

65

DE 43 17 596 A1

ATC ATT TTG AAG AAC GCA ACC ATA CAA GAC GGT CTT GTG ATT TAG 1773

Ile Ile Leu Lys Asn Ala Thr Ile Gln Asp Gly Leu Val Ile End

5 510

515

520

ATTTAACAT AACCTCATTA GAAAGAAATA ATTTTGCATG ATTCCTTTT

1823

10

CATGTAACCT AAACCTGGCTA AACCAACGAGG TTTTCTCATC TGTATATATA

1873

15

ATATGTCTAT AACTATGGAT AATCTTAATA AAAAAAAA AAAAAAAA

1923

A

1924

20

SEQ ID NO:2

ART DER SEQUENZ: Nucleotid mit entsprechendem Protein

SEQUENZLÄNGE: 1763 Basenpaare

STRANG FORM: Einzelstrang

25

TOPOLOGIE: linear

ART DES MOLEKÜLS: cDNA

URSPRÜNGLICHE HERKUNFT

ORGANISMUS: Beta vulgaris

UNMITTELBARE EXPERIMENTELLE HERKUNFT: cDNA Bibliothek im Phagen Lamda zap

30

MERKMALE:

von 3 bis 1469 Kodierregion

EIGENSCHAFTEN:

ADP-Glukose-Pyrophosphorylase kleine Untereinheit

35

SEQ ID NO:2

SEQUENCE TYPE: Nucleotide with corresponding protein

SEQUENCE LENGTH: 1763 base pairs

STRANDEDNESS: single

TOPOLOGY: linear

40

MOLECULE TYPE: cDNA

ORIGINAL SOURCE

ORGANISM: Beta vulgaris

IMMEDIATE EXPERIMENTAL SOURCE: cDNA library in Phage Lamda zap

FEATURES:

45

from 3 to 1469 coding region

PROPERTIES: ADP-Glucose-Pyrophosphorylase, small subunit

50

55

60

65

DE 43 17 596 A1

GG ATA ACT GTG CCA TCA ACC TCC TCA AAG AAC CTC CAA AAT AGC 0044
 Ile Thr Val Pro Ser Thr Ser Ser Lys Asn Leu Gln Asn Ser

5

10

5

CTC GCA TTC TCC TCT TCT CTC TCC GGC GAC AAA ATT CAA ACG 0089
 Leu Ala Phe Ser Ser Ser Leu Ser Gly Asp Lys Ile Gln Thr
 15 20 25

10

ACG TCA TTT CTC AAC CGC CGA TAT TGT AGA ATC TCT TCT AGA GCT 0134 15
 Thr Ser Phe Leu Asn Arg Arg Tyr Cys Arg Ile Ser Ser Arg Ala
 30 35 40

20

CCG ATT GTT GTC TCT CCC AAA GCT GTT TCT GAT TCT AAG AAT TCG 0179
 Pro Ile Val Val Ser Pro Lys Ala Val Ser Asp Ser Lys Asn Ser
 45 50 55

25

CAG ACT TGT CTT GAC CCT GAA GCC AGC CGT AGT GTT CTT GGT ATT 0224
 Gln Thr Cys Leu Asp Pro Glu Ala Ser Arg Ser Val Leu Gly Ile
 60 65 70

30

ATA CTT GGA GGT GGT GCT ACA CGT CTT TAC CCG TTG ACT AAG 0269 35
 Ile Leu Gly Gly Ala Gly Thr Arg Leu Tyr Pro Leu Thr Lys
 75 80 85

40

AAG AGA GCC AAA CCA GCC GTG CCA CTC GGT GCT AAT TAT AGG CTT 0314
 Lys Arg Ala Lys Pro Ala Val Pro Leu Gly Ala Asn Tyr Arg Leu
 90 95 100

45

ATT GAT ATC CCA GTG AGC AAT TGT TTG AAC AGT AAT ATT TCC AAA 0359 50
 Ile Asp Ile Pro Val Ser Asn Cys Leu Asn Ser Asn Ile Ser Lys
 105 110 110

55

ATA TAT GTT CTT ACA CAA TTC AAT TCT GCT TCT CTG AAT CGT CAT 0404
 Ile Tyr Val Leu Thr Gln Phe Asn Ser Ala Ser Leu Asn Arg His
 115 120 125

60

65

DE 43 17 596 A1

CTT TCG CGG GCA TAT GCT AGC AAC ATG GGA GGA TAC AAA AAT GAG	0449
Leu Ser Arg Ala Tyr Ala Ser Asn Met Gly Gly Tyr Lys Asn Glu	
5 130 135 140	
GGG TTT GTA GAA GTT CTT GCT GCT CAG CAA AGT CCA GAG AAT CCA	0494
Gly Phe Val Glu Val Leu Ala Ala Gln Gln Ser Pro Glu Asn Pro	
10 145 150 155	
AAC TGG TTT CAG GGT ACA GCT GAT GCT GTT AGG CAA TAT CTG TGG	0539
Asn Trp Phe Gln Gly Thr Ala Asp Ala Val Arg Gln Tyr Leu Trp	
15 160 165 170	
20 CTT TTC GAA GAG CAC AAT GTT CTT GAG TAC TTG ATT CTT GCT GGT	0584
Leu Phe Glu Glu His Asn Val Leu Glu Tyr Leu Ile Leu Ala Gly	
25 175 180 185	
GAC CAT TTG TAT CGA ATG GAT TAT GAA AGA TTT GTC CAA GCT CAC	0629
Asp His Leu Tyr Arg Met Asp Tyr Glu Arg Phe Val Gln Ala His	
30 190 195 200	
AGA GAA ACT GAT GCA GAC ATT ACT GTT GCT GCA TTG CCA ATG GAT	0674
Arg Glu Thr Asp Ala Asp Ile Thr Val Ala Ala Leu Pro Met Asp	
35 205 210 215	
GAA AAG CGT GCT ACT GCA TTT GGT TTG ATG AAA ATT GAT GAA GAA	0719
Glu Lys Arg Ala Thr Ala Phe Gly Leu Met Lys Ile Asp Glu Glu	
40 220 225 230	
GGA AGA ATT ATT GAG TTT GCC GAG AAA CCG AAA GGA GAA CAA TTG	0764
Gly Arg Ile Ile Glu Phe Ala Glu Lys Pro Lys Gly Glu Gln Leu	
50 235 240 245	
AAA GCT ATG AAG GTT GAT ACC ACA ATC CTG GGT CTG GAC GAT GAG	0809
Lys Ala Met Lys Val Asp Thr Thr Ile Leu Gly Leu Asp Asp Glu	
55 250 255 260	

DE 43 17 596 A1

AGA GCA AAA GAA ATG CCA TTC ATA GCC AGC ATG GGC ATA TAT GTT		0854
Arg Ala Lys Glu Met Pro Phe Ile Ala Ser Met Gly Ile Tyr Val		
265	270	275
ATT AGC AAA GAT GTA ATG CTT AAT CTG CTT CGG GAG CAA TTT CCT		0899
Ile Ser Lys Asp Val Met Leu Asn Leu Leu Arg Glu Gln Phe Pro		
280	285	290
GGT GCT AAT GAT TTT GGA AGT GAA GTT ATT CCA GCC GCC ACT TCC		0944
Gly Ala Asn Asp Phe Gly Ser Glu Val Ile Pro Gly Ala Thr Ser		
295	300	305
ATA GGG TTG AGA GTC CAA GCT TAT TTG TAT GAT GGT TAC TGG GAG		0989
Ile Gly Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu Tyr Asp Gly Tyr Trp Glu		
310	315	320
GAT ATT GGT ACC ATT GAA GCT TTT TAC AAT GCT AAC TTG GGA ATC		1034
Asp Ile Gly Thr Ile Glu Ala Phe Tyr Asn Ala Asn Leu Gly Ile		
325	330	335
ACC AAA AAG CCG GTG CCA GAT TTT AGC TTC TAT GAT CGT TCA TCT		1079
Thr Lys Lys Pro Val Pro Asp Phe Ser Phe Tyr Asp Arg Ser Ser		
340	345	350
CCA ATT TAT ACA CAA CCT CGG TAT TTG CCT CCT TCA AAG ATG CTT		1124
Pro Ile Tyr Thr Gln Pro Arg Tyr Leu Pro Pro Ser Lys Met Leu		
355	360	365
GAT GCT GAT ATA ACT GAC AGC GTC ATC GGT GAA GGC TGT GTT ATT		1169
Asp Ala Asp Ile Thr Asp Ser Val Ile Gly Glu Gly Cys Val Ile		
370	375	380
AAG AAC TGT AAG ATT CAT CAT TCT GTT ATC GGA CTT CGA TCT TGT		1214
Lys Asn Cys Lys Ile His His Ser Val Ile Gly Leu Arg Ser Cys		
385	390	395

5.

10

15
20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

DE 43 17 596 A1

ATC TCG GAG GGT GCA ATC ATT GAG GAC ACA CTG TTG ATG GGA GCT Ile Ser Glu Gly Ala Ile Ile Glu Asp Thr Leu Leu Met Gly Ala	1259
5 400 405 410	
 GAT TAT TAT GAG ACT GAT GCT GAT CGG AAA TTC CTG GCT GCT AAG Asp Tyr Tyr Glu Thr Asp Ala Asp Arg Lys Phe Leu Ala Ala Lys	1304
10 415 420 425	
 GGT AGT GTA CCT ATT GGA ATT GGG AAT GCA CGT ATT GGG GAT GAT Gly Ser Val Pro Ile Gly Ile Gly Asn Ala Arg Ile Gly Asp Asp	1349
15 430 435 440	
 20 GTC AAG ATT ATC AAC AGT GAC AAT GTA CAA GAA GCA GCA AGA GAA Val Lys Ile Ile Asn Ser Asp Asn Val Gln Glu Ala Ala Arg Glu	1394
25 445 450 455	
 ACA GAC GGA TAC TTC ATA AAG AGC GGA ATA GTC ACT ATA ATC AAG Thr Asp Gly Tyr Phe Ile Lys Ser Gly Ile Val Thr Ile Ile Lys	1439
30 460 465 470	
 35 GAC GCC ATG ATT CCA AGT GGA ACT GTA ATC TAG AAATGGAGCA Asp Ala Met Ile Pro Ser Gly Thr Val Ile End	1482
40 475 480 485	
 TATAATAAAT ATCACTGCCT ATTTACAGTA CCTATCTGAG TCTCCCACCA	1532
45 TGACCCTTG ATTCAATCTT TTAGTTATGT AAATATTTTG GGCTTTGCG	1582
 50 ATTTGCCAT AAATTGAAAG AAGCGAGGAT TCAGGGACGA TAGTGCTATG	1632
AATTGGAAGA AAGGATTGG GGGATATCTT TGTAAAGACA TTTTGACTAC	1682
55 TGGGCACTAA AAATTGGTA ATGCTATACC AAAATATATA AAAAGATCTT	1732
 60 GCTGGGTTT GGTAAAAAAA AAAAAAAA A	1763

SEQ ID NO:3
 ART DER SEQUENZ: Nucleotid mit entsprechendem Protein
 SEQUENZLÄNGE: 3635 Basenpaare
 65 STRANG FORM: Einzelstrang
 TOPOLOGIE: linear
 ART DES MOLEKÜLS: cDNA
 URSPRÜNGLICHE HERKUNFT

ORGANISMUS: Beta vulgaris

UNMITTELBARE EXPERIMENTELLE HERKUNFT: cDNA Bibliothek im Phagen Lamda zap

MERKMALE:

von 31 bis 3164 Kodierregion

EIGENSCHAFTEN:

Saccharosephosphat-Synthase

5

SEQ ID NO:3

SEQUENCE TYPE: Nucleotide with corresponding protein

10

SEQUENCE LENGTH: 3635 base pairs

STRANDEDNESS: single

TOPOLOGY: linear

MOLECULE TYPE: cDNA

ORIGINAL SOURCE

ORGANISM: Beta vulgaris

15

IMMEDIATE EXPERIMENTAL SOURCE: cDNA library in Phage Lamda zap

FEATURES:

from 31 to 3164 coding region

PROPERTIES: Saccharosephosphat-Synthase

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

DE 43 17 596 A1

GGGCTGCAGG GAAGCTCTGA ACTTCAAAA ATG GCG GGA AAT GAT
Met Ala Gly Asn Asp

0044

5

TGG ATA AAC AGT TAT TTA GAG GCA ATT CTG GAT GTG GGT CCA GGA 0089
Trp Ile Asn Ser Tyr Leu Glu Ala Ile Leu Asp Val Gly Pro Gly
10 15 20

15 CTT GAT GAT GCA AAA TCA TCT TTG CTT TTG AGA GAA AGA GGC AGG 0134
Leu Asp Asp Ala Lys Ser Ser Leu Leu Arg Glu Arg Gly Arg
25 30 35

20

25 TTT AGT CCT ACT CGT TAC TTT GTT GAA GAA GTT ATC ACT GGT TTT 0179
Phe Ser Pro Thr Arg Tyr Phe Val Glu Glu Val Ile Thr Gly Phe
40 45 50

30 GAT GAA ACC GAC CTT CAT CGT TCA TGG GTT CGG GCA CAA GCA ACA 0224
Asp Glu Thr Asp Leu His Arg Ser Trp Val Arg Ala Gln Ala Thr
55 60 65

35 AGG AGT CCT CAA GAG AGG AAT ACT AGA TTG GAG AAC ATG TGT TGG 0269
Arg Ser Pro Gln Glu Arg Asn Thr Arg Leu Glu Asn Met Cys Trp
70 75 80

40

45 AGA ATT TGG AAT TTG GCT CGT CAG AAG CAG CAG CTT GAG AAT GAA 0314
Arg Ile Trp Asn Leu Ala Arg Gln Lys Lys Gln Leu Glu Asn Glu
85 90 95

50 GAA GCT CAG CGG AAG ACA AAA CGT CGT ATG GAG CTT GAG AGG GGT 0359
Glu Ala Gln Arg Lys Thr Lys Arg Arg Met Glu Leu Glu Arg Gly
100 105 110

55

CGT CGA GAA GCA ACT GCT GAT ATG TCG GAG GAC TTA TCA GAA GGC 0404
Arg Arg Glu Ala Thr Ala Asp Met Ser Glu Asp Leu Ser Glu Gly
115 120 125

60

65

DE 43 17 596 A1

GAA AAG GAC ATT TCA GCT CAT GGT GAT AGC ACC CGT CCT AGA TTG	0449	
Glu Lys Asp Ile Ser Ala His Gly Asp Ser Thr Arg Pro Arg Leu		
130	135	140
5		
CCA AGA ATA AAT TCT CTT GAT GCT ATG GAG ACA TGG ATT AGT CAA	0494	
Pro Arg Ile Asn Ser Leu Asp Ala Met Glu Thr Trp Ile Ser Gln		
145	150	155
10		
CAA AAG GAA AAA AAA CTC TAC CTT GTT TTG ATA AGT CTT CAT GGT	0539	
Gln Lys Glu Lys Lys Leu Tyr Leu Val Leu Ile Ser Leu His Gly		
160	165	170
15		
TTG ATA CGA GGT GAA AAC ATG GAA CTT GGC CGT GAT TCT GAT ACT	0584	
Leu Ile Arg Gly Glu Asn Met Glu Leu Gly Arg Asp Ser Asp Thr		
175	180	185
20		
GGT GGT CAG GTT AAG TAT GTG GTT GAG CTT GCA AGG GCT CTA GGT	0629	
Gly Gly Gln Val Lys Tyr Val Val Glu Leu Ala Arg Ala Leu Gly		
190	195	200
30		
TCG ATG CCA GGT GTT TAT AGA GTT GAT TTG CTA ACT AGG CAA GTT	0674	
Ser Met Pro Gly Val Tyr Arg Val Asp Leu Leu Thr Arg Gln Val		
205	210	215
35		
TCA TCT CCT GAC GTG GAT TGG AGT TAT GGG GAG CCT ACT GAG ATG	0719	
Ser Ser Pro Asp Val Asp Trp Ser Tyr Gly Glu Pro Thr Glu Met		
220	225	230
45		
CTG AAT CCA AGG GAT TCC AAT GGT TTT GAT GAT GAT GAT GAA	0764	
Leu Asn Pro Arg Asp Ser Asn Gly Phe Asp Asp Asp Asp Glu		
235	240	245
50		
ATG GGA GAG AGT AGT GGT GCT TAC ATT GTT CGT ATA CCA TTT GGG	0809	
Met Gly Glu Ser Ser Gly Ala Tyr Ile Val Arg Ile Pro Phe Gly		
250	255	260
55		
60		

DE 43 17 596 A1

CCG AGG GAT AAG TAT ATC GCA AAA GAA GAG CTT TGG CCC TAT ATT	0854
Pro Arg Asp Lys Tyr Ile Ala Lys Glu Glu Leu Trp Pro Tyr Ile	
5 265 270 275	
 CCT GAA TTT GTT GAT GGT GCT CTA AAC CAC ATA GTT CAA ATG TCC	0899
10 Pro Glu Phe Val Asp Gly Ala Leu Asn His Ile Val Gln Met Ser	
280 285 290	
 15 AAA GTT TTA GGT GAG CAA ATT GGT AGC GGG GAA ACA GTT TGG CCA	0944
Lys Val Leu Gly Glu Gln Ile Gly Ser Gly Glu Thr Val Trp Pro	
295 300 305	
20 GTT GCC ATT CAT GGA CAT TAT GCT GAT GCT GGT GAT TCT GCT GCT	0989
Val Ala Ile His Gly His Tyr Ala Asp Ala Gly Asp Ser Ala Ala	
25 310 315 320	
 30 CTT CTT TCT GGT GGC CTA AAT GTT CCA ATG CTT TTA ACG GGG CAT	1034
Leu Leu Ser Gly Gly Leu Asn Val Pro Met Leu Leu Thr Gly His	
325 330 335	
 35 TCT CTT GGC CGA GAC AAG TTA GAG CAG CTC CTC AAA CAG GGT CGA	1079
Ser Leu Gly Arg Asp Lys Leu Glu Gln Leu Leu Lys Gln Gly Arg	
40 340 345 350	
 45 ATG TCT AAA GAT GAC ATA AAC AAT ACA TAC AAA ATA ATG CGT AGG	1124
Met Ser Lys Asp Asp Ile Asn Asn Thr Tyr Lys Ile Met Arg Arg	
355 360 365	
 50 ATA GAA GCC GAA GAG TTA TCA CTT GAT GCC TCT GAG ATA GTC ATA	1169
Ile Glu Ala Glu Glu Leu Ser Leu Asp Ala Ser Glu Ile Val Ile	
370 375 380	
 55 ACT AGT ACA AGA CAA GAA ATA GAA GAG CAA TGG CAC CTC TAT GAT	1214
Thr Ser Thr Arg Gln Glu Glu Gln Trp His Leu Tyr Asp	
60 385 390 395	

DE 43 17 596 A1

GGG TTT GAT CCT GTG CTA GAA CGT AAA CTC CGT GCT AGG ATG AAG	1259		
Gly Phe Asp Pro Val Leu Glu Arg Lys Leu Arg Ala Arg Met Lys			
400	405	410	
			5
CGT GGT GTA AGC TGT TAT GGA AGG TTC ATG CCC CGG ATG GTT GTT	1304		
Arg Gly Val Ser Cys Tyr Gly Arg Phe Met Pro Arg Met Val Val			
415	420	425	
			10
ATT CCT CCT GGA ATG GAA TTC AAT CAT ATT GTT CCA CAT GAG GGT	1349		
Ile Pro Pro Gly Met Glu Phe Asn His Ile Val Pro His Glu Gly			
430	435	440	
			15
GAT ATG GAT GGT GAA ACA GAA GAA ACT GAA GAG CAT CCT ACA TCA	1394		
Asp Met Asp Gly Glu Thr Glu Glu Thr Glu Glu His Pro Thr Ser			
445	450	455	
			20
CCT GAT CCA CCT ATC TGG GCT GAG ATT ATG CGC TTC TTT TCT AAA	1439		
Pro Asp Pro Pro Ile Trp Ala Glu Ile Met Arg Phe Phe Ser Lys			
460	465	470	
			25
CCA AGG AAG CCA ATG ATA CTT GCC CTT GCT AGG CCT GAC CCG AAG	1484		
Pro Arg Lys Pro Met Ile Leu Ala Leu Ala Arg Pro Asp Pro Lys			
475	480	485	
			30
AAG AAT ATC ACG ACT TTG GTC AAA GCA TTT GGA GAA TGC CGT CCA	1529		
Lys Asn Ile Thr Thr Leu Val Lys Ala Phe Gly Glu Cys Arg Pro			
490	495	500	
			35
CTA AGG GAG CTA GCT AAT CTT ACT CTT ATA ATG GGT AAC CGA GAT	1574		
Leu Arg Glu Leu Ala Asn Leu Thr Leu Ile Met Gly Asn Arg Asp			
505	510	515	
			40
GGT ATT GAC GAG ATG TCA AGC ACC AGT TCT TCA GTT CTC CTG TCA	1619		
Gly Ile Asp Glu Met Ser Ser Thr Ser Ser Val Leu Leu Ser			
520	525	530	
			45
			50
			55
			60
			65

DE 43 17 596 A1

GTG CTT AAG CTA ATT GAT CAA TAC GAC CTT TAT GGT CAA GTA GCA		1664
Val Leu Lys Leu Ile Asp Gln Tyr Asp Leu Tyr Gly Gln Val Ala		
5 535	540	545
TAC CCC AAA CAT CAC AAG CAA GCT GAT GTT CCT GAG ATT TAT CGT		1709
10 Tyr Pro Lys His His Lys Gln Ala Asp Val Pro Glu Ile Tyr Arg		
550	555	600
15 TTG GCA GCA AAG ACA AAG GGA GTC TTT ATT AAT CCA GCT TTT ATT		1754
Leu Ala Ala Lys Thr Lys Gly Val Phe Ile Asn Pro Ala Phe Ile		
605	610	615
20 GAG CCA TTT GGG CTG ACT CTA ATA GAG GCA GCA GCT CAT GGT TTA		1799
Glu Pro Phe Gly Leu Thr Leu Ile Glu Ala Ala His Gly Leu		
25 620	625	630
CCG ATG GTT GCT ACG AAA AAT GGA GGC CCT GTT GAT ATC CAG AGG		1844
30 Pro Met Val Ala Thr Lys Asn Gly Pro Val Asp Ile Gln Arg		
635	640	645
35 GTC CTT GAT AAT GGT CTT CTT GTG GAT CCT CAT GAG CAG CAG TCT		1889
Val Leu Asp Asn Gly Leu Leu Val Asp Pro His Glu Gln Gln Ser		
40 650	655	660
ATT GCT ACT GCT TTG CTG AAG CTT GTT GCT GAT AAG CAA CTA TGG		1934
Ile Ala Thr Ala Leu Leu Lys Leu Val Ala Asp Lys Gln Leu Trp		
45 665	670	675
ACA AAA TGC CAG CAA AAT GGA CTG AAA AAT ATT CAT CTC TAC TCT		1979
Thr Lys Cys Gln Gln Asn Gly Leu Lys Asn Ile His Leu Tyr Ser		
50 680	685	690
TGG CCA GAG CAT TCG AAG ACA TAC CTA TCT CGA ATA GCC AGT TCG		2024
Trp Pro Glu His Ser Lys Thr Tyr Leu Ser Arg Ile Ala Ser Ser		
55 695	700	705
60		

DE 43 17 596 A1

AGA CAA AGG CAA CCA CAG TGG CAA AGA AGT AGT GAT GAA GGG CTT	2069	
Arg Gln Arg Gln Pro Gln Trp Gln Arg Ser Ser Asp Glu Gly Leu		
710	715	720
5		
GAC AAT CAA GAG CCT GAA TCT CCA AGT GAT TCT TTA AGA GAT ATA	2114	
Asp Asn Gln Glu Pro Glu Ser Pro Ser Asp Ser Leu Arg Asp Ile		
725	730	735
10		
AAG GAT ATA TCT CTA AAC CTT GAA GTT CTC GTT AGA CCG GAG AAA	2159	
Lys Asp Ile Ser Leu Asn Leu Glu Val Leu Val Arg Pro Glu Lys		
740	745	750
15		
AGG GTG AAG ACG TTG AAA ATC TTG GGA TTG ATG ACA AAA GCA AAT	2204	
Arg Val Lys Thr Leu Lys Ile Leu Gly Leu Met Thr Lys Ala Asn		
755	760	765
20		
TCG AGA ATG CTG TTA TGT TCA TGG TCT AAT GGT GTC CAT AAG ATG	2249	
Ser Arg Met Leu Leu Cys Ser Trp Ser Asn Gly Val His Lys Met		
770	775	780
30		
CTT CGG AAG GCT CGG TTC TCT GAC AAA GTA GAT CAG GCT TCT AGT	2294	
Leu Arg Lys Ala Arg Phe Ser Asp Lys Val Asp Gln Ala Ser Ser		
785	790	795
35		
AAA TAT CCA GCA TTT AGG AGG AGA AAA CTT ATA TAT GTT ATT GCT	2339	
Lys Tyr Pro Ala Phe Arg Arg Arg Lys Leu Ile Tyr Val Ile Ala		
800	805	810
40		
GTA GAC GGG GAT TAT GAA GAT GGA CTT TTT GAT ATT GTT CGG AGG	2384	
Val Asp Gly Asp Tyr Glu Asp Gly Leu Phe Asp Ile Val Arg Arg		
815	820	825
50		
ATA TTT GAT GCT GCT GGC AAG GAG AAG ATT GAA GGT TCC ATC GGG	2429	
Ile Phe Asp Ala Ala Gly Lys Glu Lys Ile Glu Gly Ser Ile Gly		
830	835	840
55		
60		

DE 43 17 596 A1

	TTT ATA TTG TCA ACA TCC TAT TCT ATG CCC GAA ATT CAG AAC TAT	2474	
	Phe Ile Leu Ser Thr Ser Tyr Ser Met Pro Glu Ile Gln Asn Tyr		
5	845	850	855
	TTG CTA TCA AAA GGC TTC AAT CTT CAT GAT TTT GAT GCA TAT ATA	2519	
10	Leu Leu Ser Lys Gly Phe Asn Leu His Asp Phe Asp Ala Tyr Ile		
	860	865	870
15	TGC AAC AGT GGG AGT GAG TTG TAC TAT TCA TCT TTG AAC TCA GAG	2564	
	Cys Asn Ser Gly Ser Glu Leu Tyr Tyr Ser Ser Leu Asn Ser Glu		
	875	880	885
20	GAG AGT AAT ATT ATA GCA GAT TCA GAT TAC CAT TCA CAC ATA GAG	2609	
	Glu Ser Asn Ile Ile Ala Asp Ser Asp Tyr His Ser His Ile Glu		
25	890	895	900
30	TAC AGA TGG GGT GGA GAA GGC CTT AGA AGG ACT TTG CTT CGC TGG	2654	
	Tyr Arg Trp Gly Gly Glu Gly Leu Arg Arg Thr Leu Leu Arg Trp		
	905	910	915
35	GCA GCT TCC ATC ACA GAA AAA AAT GGT GAA AAC GAA GAA CAG GTT	2699	
	Ala Ala Ser Ile Thr Glu Lys Asn Gly Glu Asn Glu Glu Gln Val		
	920	925	930
40	ATT ACT GAA GAT GAA GAA GTT TCT ACG GGT TAT TGC TTT GCG TTT	2744	
	Ile Thr Glu Asp Glu Glu Val Ser Thr Gly Tyr Cys Phe Ala Phe		
45	935	940	945
50	AAA ATA AAG AAC CAA AAT AAG GTT CCC CCT ACG AAG GAG CTC CGC	2789	
	Lys Ile Lys Asn Gln Asn Lys Val Pro Pro Thr Lys Glu Leu Arg		
	950	955	960
55	AAG TCA ATG AGG ATT CAA GCT CTT CGT TGC CAT GTG ATT TAC TGT	2834	
	Lys Ser Met Arg Ile Gln Ala Leu Arg Cys His Val Ile Tyr Cys		
60	965	970	975

DE 43 17 596 A1

CAG AAC GGA TCT AAA ATG AAT GTG ATT CCA GTA CTA GCA TCC CGT 2879
 Gln Asn Gly Ser Lys Met Asn Val Ile Pro Val Leu Ala Ser Arg
 980 985 990

TCT CAA GCC CTC AGG TAT CTT TAT GTT CGT TGG GGA GTT GAG TTG 2924
 Ser Gln Ala Leu Arg Tyr Leu Tyr Val Arg Trp Gly Val Glu Leu
 995 1000 1005

TCG AAG ATG GTT GTC TTT GTT GGA GAA TGT GGT GAC ACA GAT TAT 2969 15
 Ser Lys Met Val Val Phe Val Gly Glu Cys Gly Asp Thr Asp Tyr
 1010 1015 1020

GAA GGC TTG CTT GGC GGG GTC CAT AAA ACC GTA ATA CTG AAG GGA 3014
 Glu Gly Leu Leu Gly Val His Lys Thr Val Ile Leu Lys Gly
 1025 1030 1035

GTC TCC AAC ACT GCT TTA AGG TCT CTC CAT GCC AAC AGA AGT TAC 3059.
 Val Ser Asn Thr Ala Leu Arg Ser Leu His Ala Asn Arg Ser Tyr
 1040 1045 1050

CCT CTT TCA CAT GTC GTG TCG CTT GAC AGC CCC AAT ATT GGC GAG 3104 35
 Pro Leu Ser His Val Val Ser Leu Asp Ser Pro Asn Ile Gly Glu
 1055 1060 1065

GTG AGC AAA GGG TGC AGC AGC TCC GAG ATC CAG TCC ATC GTC ACA 3149
 Val Ser Lys Gly Cys Ser Ser Ser Glu Ile Gln Ser Ile Val Thr
 1070 1075 1080

AAA CTC TCC AAA GCT TAA TCAGATATCT GCTGCTTTCT TTTGGGTAAG 3197
 Lys Leu Ser Lys Ala End
 1085

55 CAAGGTTCA TCTTATATGA TTATATCATA AGATACTATA TAAGCACCTT 3247

ATTGGTAAGT CAGTCCCATA ATAATAATGT ACTTCAGAAC CACAATACTT 3297 60

AAAAGTTGGT TCAGTAGTGAA TTAGTCTCAT AATAATCATA TAATTACACA 3347

5

10

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

DE 43 17 596 A1

TCCGCTGTTA ACTAGTGGTA ATATCTAAC TCAACAATAA AGATGTAAAA	3397
5 TGCTAGTATG GAAATGAATT GCTAGCTGTT GATCTCTTC CCTTTATTCT	3447
10 GTATTATTTC TTTCCTCATC TCATGTAAAA ACAATTTCT GAAGGTGTAC	3497
15 AGTTTTTCC CCTTATATAT CTGTATTATT TCTACTATTT TTTGTTGTA	3547
20 AGAATATCCT CTCATCGAGG AGTGATAATT AAATAACCGG CTTGCTAAAT	3597
25 ATAAGCTTA TTCGAGTTAA AAAAAAAAAA AAAAAAAA	3635

SEQ ID NO:4
ART DER SEQUENZ: Nucleotid mit entsprechendem Protein
SEQUENZLÄNGE: 2563 Basenpaare
STRANG FORM: Einzelstrang
TOPOLOGIE: linear
ART DES MOLEKÜLS: cDNA
URSPRÜNGLICHE HERKUNFT
ORGANISMUS: Beta vulgaris
UNMITTELBARE EXPERIMENTELLE HERKUNFT: cDNA Bibliothek im Phagen Lamda zap
MERKMALE:
von 3 bis 2300 Kodierregion
EIGENSCHAFTEN:
Saccharosesynthase

35 SEQ ID NO:4
SEQUENCE TYPE: Nucleotide with corresponding protein
SEQUENCE LENGTH: 2563 base pairs
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
40 MOLECULE TYPE: cDNA
ORIGINAL SOURCE
ORGANISM: Beta vulgaris
IMMEDIATE EXPERIMENTAL SOURCE: cDNA library in Phage Lamda zap
FEATURES:
45 from 3 to 2300 coding region
PROPERTIES: Saccharosesynthase

50

55

60

65

DE 43 17 596 A1

CT GCA GGA GGG AAA CAA ATT CTT AGC GAT GGC CCG TTT AGC GAA	0044	
Ala Gly Gly Lys Gln Ile Leu Ser Asp Gly Pro Phe Ser Glu		
5	10	
		5
GTT CTT AGG TCT GCT CAG GAA GCA ATA GTT GTT CCT CCC TTT GTT	0089	
Val Leu Arg Ser Ala Gln Glu Ala Ile Val Val Pro Pro Phe Val		
15	20	25
		10
GCT ATA GCA GTC CGT CCA AGA CCT GGA GTT TGG GAA TAT GTT CGT	0134	
Ala Ile Ala Val Arg Pro Arg Pro Gly Val Trp Glu Tyr Val Arg		
30	35	40
		15
GTT AAT GTC TCT GAA CTG AAT GTG GAG CAG CTA ACT GTG TCT GAG	0179	
Val Asn Val Ser Glu Leu Asn Val Glu Gln Leu Thr Val Ser Glu		
45	50	55
		20
TAT CTC CAT TTC AAG GAA GAA CTT GTG GAT GGA AAG GCT GAT GAC	0224	
Tyr Leu His Phe Lys Glu Glu Leu Val Asp Gly Lys Ala Asp Asp		
60	65	70
		30
CAC TAT GTG CTT GAG CTT GAT TTC GAG CCT TTT AAT GAA TCA GTT	0269	
His Tyr Val Leu Glu Leu Asp Phe Glu Pro Phe Asn Glu Ser Val		
75	80	85
		35
CCA CGT CCA ACT CGC TCT TCA TCA ATT GGT AAT GGT GTT CAG TTC	0314	
Pro Arg Pro Thr Arg Ser Ser Ser Ile Gly Asn Gly Val Gln Phe		
90	95	100
		40
CTC AAT CGG CAC CTG TCA TCA AGC ATG TTC TGC AAC AAA GAT TGC	0359	
Leu Asn Arg His Leu Ser Ser Ser Met Phe Cys Asn Lys Asp Cys		
105	110	115
		50
TTG GAG CCG TTA CTT GAT TTT CTT AGA GTG CAC AAA CAT AAA GGA	0404	
Leu Glu Pro Leu Leu Asp Phe Leu Arg Val His Lys His Lys Gly		
120	125	130
		55
		60

DE 43 17 596 A1

	GTT GTC ATG ATG TTG AAT GAT CGG ATA CAG ACT ATC CAG CGT CTT	0449
	Val Val Met Met Leu Asn Asp Arg Ile Gln Thr Ile Gln Arg Leu	
5	135 140 145	
	CAG TCT GCA TTG TCT AAA GCT GAG GAT TAT CTT ATC AAA CTT CCA	0494
10	Gln Ser Ala Leu Ser Lys Ala Glu Asp Tyr Leu Ile Lys Leu Pro	
	150 155 160	
15	GCA GAT ACA CCT TAC TCT GAG TTC GAA TTT GTA ATC CAA GGT ATG	0539
	Ala Asp Thr Pro Tyr Ser Glu Phe Glu Phe Val Ile Gln Gly Met	
	165 170 175	
20	GGT TTT GAA AGA GGC TGG GGT GAT ACT GCT GAA AGG GTT CTA GAA	0584
	Gly Phe Glu Arg Gly Trp Gly Asp Thr Ala Glu Arg Val Leu Glu	
25	180 185 190	
30	ATG ATG CAT CTA CTA CTA GAT ATC CTT CAG GCT CCC GAT CCG TCT	0629
	Met Met His Leu Leu Leu Asp Ile Leu Gln Ala Pro Asp Pro Ser	
	195 200 205	
35	ACA TTA GAG ACA TTT CTG GGA AGA CTT CCC ATG GTG TTT AAT GTG	0674
	Thr Leu Glu Thr Phe Leu Gly Arg Leu Pro Met Val Phe Asn Val	
	210 215 220	
40	GTC ATT TTG TCT GTA CAT GGA TAT TTT GGA CAG GCA CAT GTG CTC	0719
	Val Ile Leu Ser Val His Gly Tyr Phe Gly Gln Ala His Val Leu	
45	225 230 235	
50	GGC TTG CCT GAC ACT GGT GGG CAG ATA GTT TAT ATA CTT GAC CAA	0764
	Gly Leu Pro Asp Thr Gly Gly Gln Ile Val Tyr Ile Leu Asp Gln	
	240 245 250	
55	GTG CGG TCT CTG GAA CAT GAA ATG CTC CAA CGA ATA AAG AAG CAA	0809
	Val Arg Ser Leu Glu His Glu Met Leu Gln Arg Ile Lys Lys Gln	
60	255 260 265	

DE 43 17 596 A1

GGA CTA GAT GTG ACT CCT AGA ATT CTT ATC GTG AGT CGG TTG ATT	0854		
Gly Leu Asp Val Thr Pro Arg Ile Leu Ile Val Ser Arg Leu Ile			
270	275	280	
			5
CCT GAC GCT AAA GGG ACC ACG TGC AAT CAA CGT ATG GAG AAA GTC	0899		
Pro Asp Ala Lys Gly Thr Thr Cys Asn Gln Arg Met Glu Lys Val			
285	290	295	
			10
AGT GGA ACA GAG CAT GCT AGT ATC CTG AGA GTT CCT TTC CGA TCA	0944		
Ser Gly Thr Glu His Ala Ser Ile Leu Arg Val Pro Phe Arg Ser			
300	305	310	
			15
GAG AAA GGA ATC CTC CGC AAA TGG ATA TCT AGA TTT GAT GTA TGG	0989		
Glu Lys Gly Ile Leu Arg Lys Trp Ile Ser Arg Phe Asp Val Trp			
315	320	325	
			20
CCT TAT TTA GAG ACC TTC ACT GAG GAT GCA GCT GGT GAA ATT ATT	1034		
Pro Tyr Leu Glu Thr Phe Thr Glu Asp Ala Ala Gly Glu Ile Ile			
330	335	340	
			30
GGC GAG TTG CAG GGT CGT CCA GAT CTG ATA ATT GGC AAC TAC AGC	1079		
Gly Glu Leu Gln Gly Arg Pro Asp Leu Ile Ile Gly Asn Tyr Ser			
345	350	355	
			35
GAT GGG AAT ATA GTT GCT TCT TTA TTG TCC CAC AAA ATG GGT GTC	1124		
Asp Gly Asn Ile Val Ala Ser Leu Leu Ser His Lys Met Gly Val			
360	365	370	
			40
ACC CAG TGC AAT ATA GCC CAT GCA TTG GAG AAA ACC AAG TAT CCA	1169		
Thr Gln Cys Asn Ile Ala His Ala Leu Glu Lys Thr Lys Tyr Pro			
375	380	385	
			50
GAT TCT GAT ATT TAC TGG AAA AGA TTT GAG GAC AAA TAT CAC TTC	1214		
Asp Ser Asp Ile Tyr Trp Lys Arg Phe Glu Asp Lys Tyr His Phe			
390	395	400	
			60

DE 43 17 596 A1

TCG TGT CAA TTT TCA GCT GAC TTG ATG GCA ATG AAT CAT GCT GAT		1259
Ser Cys Gln Phe Ser Ala Asp Leu Met Ala Met Asn His Ala Asp		
5 405	410	415
 TTC ATC ATT ACG AGT ACT TAC CAA GAG ATA GCT GGA ACG AAG AAT		1304
Phe Ile Ile Thr Ser Thr Tyr Gln Glu Ile Ala Gly Thr Lys Asn		
10 420	425	430
 ACT GTT GGT CAA TAT GAA AGC CAT AAG GCC TTT ACT TTT CCG GGG		1349
Thr Val Gly Gln Tyr Glu Ser His Lys Ala Phe Thr Phe Pro Gly		
15 435	440	445
 CTG TAT CGG GTG GTT CAC GGG ATT GAT GTC TTT GAT CCC AAG TTT		1394
Leu Tyr Arg Val Val His Gly Ile Asp Val Phe Asp Pro Lys Phe		
20 450	455	460
 AAT ATT GTC TCG CCA GGG GCA GAC ATG GCC ATC TAC TTC CCA TTT		1439
Asn Ile Val Ser Pro Gly Ala Asp Met Ala Ile Tyr Phe Pro Phe		
25 465	470	475
 TCA GAG AAG GAT GTC ACC TGT CTC ACT TCA CTT CAT AGA CTT ATA		1484
Ser Glu Lys Asp Val Thr Cys Leu Thr Ser Leu His Arg Leu Ile		
30 480	485	490
 GAG CAG CTC CTA TTC AAA CCT GAG CAG AAC GAA GAA CAC ATT GGT		1529
Glu Gln Leu Leu Phe Lys Pro Glu Gln Asn Glu Glu His Ile Gly		
35 495	500	505
 GTA TTA GAT GAT ACC TCA AAG CCA ATT ATA TTT TCC ATG GCG AGG		1574
Val Leu Asp Asp Thr Ser Lys Pro Ile Ile Phe Ser Met Ala Arg		
40 510	515	520
 CTA GAC CGT GTG AAG AAT ATA ACA GGG CTG GTA GAG TGC TAT GGC		1619
Leu Asp Arg Val Lys Asn Ile Thr Gly Leu Val Glu Cys Tyr Gly		
45 525	530	535

DE 43 17 596 A1

AAG AAT GCG AAA CTC AGG GAA CTG GCA AAC CTG GTT GTA GTG GCT	1664		
Lys Asn Ala Lys Leu Arg Glu Leu Ala Asn Leu Val Val Val Ala			
540	545	550	5
GGG TAC AAT GAT GTA AAA AAG TCG AAT GAC AGG GAG GAA ATT GCC	1709		
Gly Tyr Asn Asp Val Lys Lys Ser Asn Asp Arg Glu Glu Ile Ala			
555	560	565	10
GAA ATC GAG AAG ATG CAC AGG CTT ATA CAG GAG TAT AAT TTA AGA	1754		
Glu Ile Glu Lys Met His Arg Leu Ile Gln Glu Tyr Asn Leu Arg			
570	575	580	15
GGA CAA TTT CGC TGG ATT GCT TCT CAA ACA AAT AGA GTA CGA AAT	1799		
Gly Gln Phe Arg Trp Ile Ala Ser Gln Thr Asn Arg Val Arg Asn			
585	590	595	20
GGT GAA CTC TAT CGC TAC ATT TGT GAC AAA GGA GGT ATT TTT GCG	1844		
Gly Glu Leu Tyr Arg Tyr Ile Cys Asp Lys Gly Gly Ile Phe Ala			
600	605	610	25
CAG CCT GCA TTT TAT GAA GCA TTT GGG CTT ACA GTT GTT GAA GCC	1889		
Gln Pro Ala Phe Tyr Glu Ala Phe Gly Leu Thr Val Val Glu Ala			
615	620	625	30
ATG ACC TGT GGT CTT CCC ACA TTT GCT ACC TGC CAC GGT GGT CCA	1934		
Met Thr Cys Gly Leu Pro Thr Phe Ala Thr Cys His Gly Gly Pro			
630	635	640	35
GCT GAG ATT ATA GAA GAC GGT GTT TCA GGA TTT CAT ATC GAT CCA	1979		
Ala Glu Ile Ile Glu Asp Gly Val Ser Gly Phe His Ile Asp Pro			
645	650	655	40
TAT CAT GCT GAT CAG GCA GAA AAA ATG ACT GAA TTC TTT GTC AAG	2024		
Tyr His Ala Asp Gln Ala Glu Lys Met Thr Glu Phe Phe Val Lys			
660	665	670	45
			50
			55
			60
			65

DE 43 17 596 A1

TGC AGA GAG GAT CCA AAC TAC TGG ACT AAA ATC TCT GCA GGA GGG	2069
Cys Arg Glu Asp Pro Asn Tyr Trp Thr Lys Ile Ser Ala Gly Gly	
5 675 680 685	
 TTA CTA AGG ATC AAA GAA AGA TAT ACC TGG CAA AAG TAT TCT GAA	2114
Leu Leu Arg Ile Lys Glu Arg Tyr Thr Trp Gln Lys Tyr Ser Glu	
10 690 695 700	
 AGG TTA ATG ACA TTG GCA GGG GTG TAT GGT TTC TGG AAA TAT GTC	2159
Arg Leu Met Thr Leu Ala Gly Val Tyr Gly Phe Trp Lys Tyr Val	
15 705 710 715	
 TCT AAA CTA GAG AGA AGA GAG ACA CGA CGT TAT CTT GAG ATG TTC	2204
Ser Lys Leu Glu Arg Arg Glu Thr Arg Arg Tyr Leu Glu Met Phe	
20 25 720 725 730	
 TAC ATT TTG AAG TTC CGT GAT CTG GCC AAC TCT GTT CCG CTG GCA	2249
Tyr Ile Leu Lys Phe Arg Asp Leu Ala Asn Ser Val Pro Leu Ala	
30 735 740 745	
 ACA GAT GAA GAG CCT TCT ACT ACT GAT GCA GTT GCG ACA TTC CGT	2294
Thr Asp Glu Glu Pro Ser Thr Thr Asp Ala Val Ala Thr Phe Arg	
35 750 755 760	
 GGA CCT TGA ACGCTGCTGC TTACTGAGGT TCCAAGTTGT GTATATATTA	2343
Gly Pro End	
40 45 50 55 60	
 CTGTGAAAGG AATAAGTGTA GCTACACAAA AGGTTCTCAA CTATTAGTAT	2393
CTTCTCTGTG TAAATAACGA GAGTGAAAAA TGTAATATTG TTGATGTCTT	2443
 GAAAACTGAG TTTGCTTGT TTATTTTAA GTGTATGACA ATATGTATCA	2493
TATAACGGAT TCTTCAGTGA TCATATCAA AACTACTGAC CATCGAAGTT	2543
AATGAAAATC GACAGCAACA	2563

Patentansprüche

65 1. DNA-Sequenz mit der kodierenden Region für die große Untereinheit der ADP-Glukose-Pyrophosphorylase zur Herstellung von Zuckerrüben mit veränderter Saccharose-Konzentration, dadurch gekennzeichnet, daß die Sequenz die folgende Nukleotidabfolge (Seq. ID No. 1) hat:

DE 43 17 596 A1

CAAAAGAAAA ACTTCCCATT TCTACTTCTT TGCACAATAT AATTCCCAC	0050
CAATTTTCT TTAAATTCT CACTTCATT TAATCAGTTT TCAGAACAT	0100
TCTGATACTC GACAACCCAC TTTCTGTTCT CCCAAGATTC CAAACCTCTG	0150
ATTCTCATTC CACTAATATT TTTGCTTATT TTTTTCTGG ATTTAAAGAA	0200
AAGCT ATG GAT GCA AGT GCA GCA GCC ATA AAT GTC AAT GCC CAT Met Asp Ala Ser Ala Ala Ala Ile Asn Val Asn Ala His	0243 15
5 10	
TTA ACA GAA GTT GGA AAG AAA CGT TTT TTA GGA GAG AGA ATC AGT Leu Thr Glu Val Gly Lys Lys Arg Phe Leu Gly Glu Arg Ile Ser	0288
15 20 25	20
CAA AGT TTG AAG GGT AAA GAT CTG AGA GCT CTG TTT TCA AGA ACT Gln Ser Leu Lys Gly Lys Asp Leu Arg Ala Leu Phe Ser Arg Thr	0333
30 35 40	35
GAG AGC AAG GGT AGA AAT GTC AAT AAA CCT GGG GTT GCA TTT TCT Glu Ser Lys Gly Arg Asn Val Asn Lys Pro Gly Val Ala Phe Ser	0378 35
45 50 55	50
GTT CTC ACC TCA GAT TTT AAT CAA AGT GTT AAA GAA TCT TTG AAA Val Leu Thr Ser Asp Phe Asn Gln Ser Val Lys Glu Ser Leu Lys	0423
60 65 70	65
	70
	40
	50
	55
	60
	65

DE 43 17 596 A1

TAT GAG CCA GCA TTA TTT GAA TCT CCA AAA GCT GAC CCA AAA AAT 0468
 Tyr Glu Pro Ala Leu Phe Glu Ser Pro Lys Ala Asp Pro Lys Asn
 5 75 80 85

GTG GCT GCA ATT GTG CTG GGT GGT GCT GGG ACT CGC CTC TTT 0513
 Val Ala Ala Ile Val Leu Gly Gly Ala Gly Thr Arg Leu Phe
 10 90 95 100

CCT CTT ACT AGC AGG AGA GCT AAG CCA GCA GTG CCA ATT GGA GGG 0558
 Pro Leu Thr Ser Arg Arg Ala Lys Pro Ala Val Pro Ile Gly Gly
 15 105 110 115

TGT TAC AGG CTG ATT GAT GTG CCT ATG AGC AAC TGC ATC AAC AGT 0603
 Cys Tyr Arg Leu Ile Asp Val Pro Met Ser Asn Cys Ile Asn Ser
 20 25 120 125 130

GGC ATT AGA AAG ATT TTC ATT CTT ACC CAG TTC AAT TCG TTT TCG 0648
 Gly Ile Arg Lys Ile Phe Ile Leu Thr Gln Phe Asn Ser Phe Ser
 30 135 140 145

CTT AAT CGT CAT CTT GCT CGA ACC TAT AAT TTT GGA GAT GGT GTG 0693
 Leu Asn Arg His Leu Ala Arg Thr Tyr Asn Phe Gly Asp Gly Val
 35 40 150 155 160

AAT TTT GGG GAT GGC TTT GTG GAG GTT TTT GCT GCT ACA CAA ACA 0738
 Asn Phe Gly Asp Gly Phe Val Glu Val Phe Ala Ala Thr Gln Thr
 45 165 170 175

CCT GGA GAA TCA GGA AAG AAA TGG TTC CAG GGC ACC GCT GAT GCA 0783
 Pro Gly Glu Ser Gly Lys Lys Trp Phe Gln Gly Thr Ala Asp Ala
 50 180 185 190

GTA AGA CAG TTT TTC TGG GCA TTT GAG GAT TCC AAA TCC AAG GAT 0828
 Val Arg Gln Phe Phe Trp Ala Phe Glu Asp Ser Lys Ser Lys Asp
 55 60 195 200 205

DE 43 17 596 A1

GTC GAG CAT ATA GTT ATT TTA TCC GGT GAT CAT CTT TAC CGA ATG 0873
Val Glu His Ile Val Ile Leu Ser Gly Asp His Leu Tyr Arg Met
210 215 220 5

GAT TAC ATG AGT TTT TGG CAG AAG CAC ATT GAC ACC AAT GCT GAT 0918
Asp Tyr Met Ser Phe Trp Gln Lys His Ile Asp Thr Asn Ala Asp
225 230 235 10

ATT ACA GTG TCA TGC ATA CCC ATG GAT GAC AGC CGT GCA TCG GAT 0963 15
Ile Thr Val Ser Cys Ile Pro Met Asp Asp Ser Arg Ala Ser Asp
240 245 250 20

TAT GGG CTG ATG AAG ATT GAT CAC ACT GGA CGC ATT GTC CAT TTT 1008
Tyr Gly Leu Met Lys Ile Asp His Thr Gly Arg Ile Val His Phe
255 260 265 25

GCA GAA AAA CCC AAG GGT TCT GAT CTA ACA GCA ATG CAA GTA GAT 1053
Ala Glu Lys Pro Lys Gly Ser Asp Leu Thr Ala Met Gln Val Asp
270 275 280 30

ACA ACT GTT CTT GGG CTC TCT GAC CTT GAA GCT ATG TCA AAT CCA 1098 35
Thr Thr Val Leu Gly Leu Ser Asp Leu Glu Ala Met Ser Asn Pro
285 290 295 40

TAT ATT GCA TCA ATG GGT GTT TAT GTC TTT CGA ACG GAT GTT CTT 1143
Tyr Ile Ala Ser Met Gly Val Tyr Val Phe Arg Thr Asp Val Leu
300 305 310 45

ATG GAG CTT CTC AAT CGA AAA TAC CCT TCA AGC AAT GAT TTT GGC 1188 50
Met Glu Leu Leu Asn Arg Lys Tyr Pro Ser Ser Asn Asp Phe Gly
315 320 325 55

TCT GAG ATT ATT CCT TCA GCT GTA GGA GAG TCT AAT GTT CAG GCA 1233
Ser Glu Ile Ile Pro Ser Ala Val Gly Glu Ser Asn Val Gln Ala
330 335 340 60

DE 43 17 596 A1

TAT CTA TTT AAT GAC TAC TGG GAG GAT ATC GGA ACC ATA AAG TCT 1278
 Tyr Leu Phe Asn Asp Tyr Trp Glu Asp Ile Gly Thr Ile Lys Ser
 5 345 350 355

TTC TTT GAT TCC AAT TTG GCC CTT ACA CAA CAG CCT CCC AAG TTT 1323
 10 Phe Phe Asp Ser Asn Leu Ala Leu Thr Gln Gln Pro Pro Lys Phe
 360 365 370

GAA TTC TAC GAT CCA AAA ACA CCT TTT TAT ACA TCT GCA AGA TTT 1368
 15 Glu Phe Tyr Asp Pro Lys Thr Pro Phe Tyr Thr Ser Ala Arg Phe
 375 380 385

20 CTG CCT CCT ACA AAA GTC GAC AGG TGC AAG ATT GTC GAT TCC ATT 1413
 Leu Pro Pro Thr Lys Val Asp Arg Cys Lys Ile Val Asp Ser Ile
 25 390 395 400

GTA TCC CAT GGT TGT TTT CTA CAG GAG TCT AGC ATC CAA CAT TCC 1458
 30 Val Ser His Gly Cys Phe Leu Gln Glu Ser Ser Ile Gln His Ser
 405 410 415

35 ATT GTT GGT GTT CGC TCA AGA TTA GAG TCC GGG GTT GAG TTC CAG 1503
 Ile Val Gly Val Arg Ser Arg Leu Glu Ser Gly Val Glu Phe Gln
 40 420 425 430

GAC ACC ATG ATG ATG GGC GCA GAT TAC TAT CAA ACT GAA TCA GAA 1548
 45 Asp Thr Met Met Met Gly Ala Asp Tyr Tyr Gln Thr Glu Ser Glu
 435 440 445

ATT GCT TCT CTG CTT GCT GAG GGA AAG GTT CCT GTT GGT GTC GGA 1593
 50 Ile Ala Ser Leu Leu Ala Glu Gly Lys Val Pro Val Gly Val Gly
 450 455 460

CAG AAT ACC AAA ATA AAG AAT TGC ATA ATT GAC AAG AAC GCC AAA 1638
 55 Gln Asn Thr Lys Ile Lys Asn Cys Ile Ile Asp Lys Asn Ala Lys
 60 465 470 475

DE 43 17 596 A1

ATT GGA AAA GAT GTG GTA ATC GCA AAC ACG GAT GGT GTT GAG GAA 1683
Ile Gly Lys Asp Val Val Ile Ala Asn Thr Asp Gly Val Glu Glu
480 485 490

5

GCA GAT AGA CCA AAT GAA GGC TTT TAC ATC AGG TCG GGC ATT ACC 1728
Ala Asp Arg Pro Asn Glu Gly Phe Tyr Ile Arg Ser Gly Ile Thr
495 500 505

10

ATC ATT TTG AAG AAC GCA ACC ATA CAA GAC GGT CTT GTG ATT TAG 1773 : 15
Ile Ile Leu Lys Asn Ala Thr Ile Gln Asp Gly Leu Val Ile End
510 515 520

20

ATTTAACCAT AACCTCATTA GAAAGAAATA ATTTGCATG ATTCCTTTT 1823

CATGTAACCT AAACTGGCTA AACACGAGG TTTCTCATC TGTATATATA 1873 25

ATATGTCTAT AACTATGGAT AATCTTAATA AAAAAAAA AAAAAAAA 1923

30

A 1924

35

2. DNA-Sequenz mit der kodierenden Region für die kleine Untereinheit der ADP-Glukose-Pyrophosphorylase zu Herstellung von Zuckerüben mit veränderter Saccharose-Konzentration, dadurch gekennzeichnet, daß die Sequenz die folgende Nukleotidabfolge (Seq. ID No. 2) hat:

GG ATA ACT GTG CCA TCA ACC TCC TCA AAG AAC CTC CAA AAT AGC 0044 40
Ile Thr Val Pro Ser Thr Ser Ser Lys Asn Leu Gln Asn Ser
5 10

45

CTC GCA TTC TCC TCT TCT CTC TCC GGC GAC AAA ATT CAA ACG 0089
Leu Ala Phe Ser Ser Ser Leu Ser Gly Asp Lys Ile Gln Thr
15 20 25

50

ACG TCA TTT CTC AAC CGC CGA TAT TGT AGA ATC TCT TCT AGA GCT 0134
Thr Ser Phe Leu Asn Arg Arg Tyr Cys Arg Ile Ser Ser Arg Ala
30 35 40

55

60

DE 43 17 596 A1

	CCG ATT GTT GTC TCT CCC AAA GCT GTT TCT GAT TCT AAG AAT TCG	0179
5	Pro Ile Val Val Ser Pro Lys Ala Val Ser Asp Ser Lys Asn Ser	
	45 50 55	
10	CAG ACT TGT CTT GAC CCT GAA GCC AGC CGT AGT GTT CTT GGT ATT	0224
	Gln Thr Cys Leu Asp Pro Glu Ala Ser Arg Ser Val Leu Gly Ile	
	60 65 70	
15		
	ATA CTT GGA GGT GGT GCT GGT ACA CGT CTT TAC CCG TTG ACT AAG	0269
	Ile Leu Gly Gly Ala Gly Thr Arg Leu Tyr Pro Leu Thr Lys	
	75 80 85	
20		
	AAG AGA GCC AAA CCA GCC GTG CCA CTC GGT GCT AAT TAT AGG CTT	0314
	Lys Arg Ala Lys Pro Ala Val Pro Leu Gly Ala Asn Tyr Arg Leu	
25	90 95 100	
30		
	ATT GAT ATC CCA GTG AGC AAT TGT TTG AAC AGT AAT ATT TCC AAA	0359
	Ile Asp Ile Pro Val Ser Asn Cys Leu Asn Ser Asn Ile Ser Lys	
	105 110 110	
35		
	ATA TAT GTT CTT ACA CAA TTC AAT TCT GCT TCT CTG AAT CGT CAT	0404
	Ile Tyr Val Leu Thr Gln Phe Asn Ser Ala Ser Leu Asn Arg His	
40	115 120 125	
45		
	CTT TCG CGG GCA TAT GCT AGC AAC ATG GGA GGA TAC AAA AAT GAG	0449
	Leu Ser Arg Ala Tyr Ala Ser Asn Met Gly Gly Tyr Lys Asn Glu	
	130 135 140	
50		
	GGG TTT GTA GAA GTT CTT GCT GCT CAG CAA AGT CCA GAG AAT CCA	0494
	Gly Phe Val Glu Val Leu Ala Ala Gln Gln Ser Pro Glu Asn Pro	
	145 150 155	
55		
	AAC TGG TTT CAG GGT ACA GCT GAT GCT GCT AGG CAA TAT CTG TGG	0539
	Asn Trp Phe Gln Gly Thr Ala Asp Ala Val Arg Gln Tyr Leu Trp	
60	160 165 170	

DE 43 17 596 A1

CTT	TTC	GAA	GAG	CAC	AAT	GTT	CCT	GAG	TAC	TTG	ATT	CTT	GCT	GGT	0584
Leu	Phe	Glu	Glu	His	Asn	Val	Leu	Glu	Tyr	Leu	Ile	Leu	Ala	Gly	
175						180						185			5
GAC	CAT	TTG	TAT	CGA	ATG	GAT	TAT	GAA	AGA	TTT	GTC	CAA	GCT	CAC	0629
Asp	His	Leu	Tyr	Arg	Met	Asp	Tyr	Glu	Arg	Phe	Val	Gln	Ala	His	
190						195						200			10
AGA	GAA	ACT	GAT	GCA	GAC	ATT	ACT	GTT	GCT	GCA	TTG	CCA	ATG	GAT	0674
Arg	Glu	Thr	Asp	Ala	Asp	Ile	Thr	Val	Ala	Ala	Leu	Pro	Met	Asp	15
205						210						215			
GAA	AAG	CGT	GCT	ACT	GCA	TTT	GGT	TTG	ATG	AAA	ATT	GAT	GAA	GAA	0719
Glu	Lys	Arg	Ala	Thr	Ala	Phe	Gly	Leu	Met	Lys	Ile	Asp	Glu	Glu	
220						225					230				25
GGA	AGA	ATT	ATT	GAG	TTT	GCC	GAG	AAA	CCG	AAA	GGA	GAA	CAA	TTG	0764
Gly	Arg	Ile	Ile	Glu	Phe	Ala	Glu	Lys	Pro	Lys	Gly	Glu	Gln	Leu	
235						240					245				30
AAA	GCT	ATG	AAG	GTT	GAT	ACC	ACA	ATC	CTG	GGT	CTG	GAC	GAT	GAG	0809
Lys	Ala	Met	Lys	Val	Asp	Thr	Thr	Ile	Leu	Gly	Leu	Asp	Asp	Glu	35
250						255					260				40
AGA	GCA	AAA	GAA	ATG	CCA	TTC	ATA	GCC	AGC	ATG	GGC	ATA	TAT	GTT	0854
Arg	Ala	Lys	Glu	Met	Pro	Phe	Ile	Ala	Ser	Met	Gly	Ile	Tyr	Val	
265						270					275				45
ATT	AGC	AAA	GAT	GTA	ATG	CTT	AAT	CTG	CTT	CGG	GAG	CAA	TTT	CCT	0899
Ile	Ser	Lys	Asp	Val	Met	Leu	Asn	Leu	Leu	Arg	Glu	Gln	Phe	Pro	50
280						285					290				
GGT	GCT	AAT	GAT	TTT	GGA	AGT	GAA	GTT	ATT	CCA	GGC	GCC	ACT	TCC	0944
Gly	Ala	Asn	Asp	Phe	Gly	Ser	Glu	Val	Ile	Pro	Gly	Ala	Thr	Ser	
295						300					305				60

DE 43 17 596 A1

	ATA GGG TTG AGA GTC CAA GCT TAT TTG TAT GAT GGT TAC TGG GAG	0989
5	Ile Gly Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu Tyr Asp Gly Tyr Trp Glu	
	310 315 320	
	GAT ATT GGT ACC ATT GAA GCT TTT TAC AAT GCT AAC TTG GGA ATC	1034
10	Asp Ile Gly Thr Ile Glu Ala Phe Tyr Asn Ala Asn Leu Gly Ile	
	325 330 335	
15	ACC AAA AAG CCG GTG CCA GAT TTT AGC TTC TAT GAT CGT TCA TCT	1079
	Thr Lys Lys Pro Val Pro Asp Phe Ser Phe Tyr Asp Arg Ser Ser	
	340 345 350	
20	CCA ATT TAT ACA CAA CCT CGG TAT TTG CCT CCT TCA AAG ATG CTT	1124
	Pro Ile Tyr Thr Gln Pro Arg Tyr Leu Pro Pro Ser Lys Met Leu	
25	355 360 365	
30	GAT GCT GAT ATA ACT GAC AGC GTC ATC GGT GAA GGC TGT GTT ATT	1169
	Asp Ala Asp Ile Thr Asp Ser Val Ile Gly Glu Gly Cys Val Ile	
	370 375 380	
35	AAG AAC TGT AAG ATT CAT CAT TCT GTT ATC GGA CTT CGA TCT TGT	1214
	Lys Asn Cys Lys Ile His His Ser Val Ile Gly Leu Arg Ser Cys	
40	385 390 395	
45	ATC TCG GAG GGT GCA ATC ATT GAG GAC ACA CTG TTG ATG GGA GCT	1259
	Ile Ser Glu Gly Ala Ile Ile Glu Asp Thr Leu Leu Met Gly Ala	
	400 405 410	
50	GAT TAT TAT GAG ACT GAT GCT GAT CGG AAA TTC CTG GCT GCT AAG	1304
	Asp Tyr Tyr Glu Thr Asp Ala Asp Arg Lys Phe Leu Ala Ala Lys	
	415 420 425	
55	GGT AGT GTA CCT ATT GGA ATT GGG AAT GCA CGT ATT GGG GAT GAT	1349
	Gly Ser Val Pro Ile Gly Ile Gly Asn Ala Arg Ile Gly Asp Asp	
60	430 435 440	

DE 43 17 596 A1

GTC AAG ATT ATC AAC AGT GAC AAT GTA CAA GAA GCA GCA AGA GAA	1394	
Val Lys Ile Ile Asn Ser Asp Asn Val Gln Glu Ala Ala Arg Glu		
445	450	455
5		
ACA GAC GGA TAC TTC ATA AAG AGC GGA ATA GTC ACT ATA ATC AAG	1439	
Thr Asp Gly Tyr Phe Ile Lys Ser Gly Ile Val Thr Ile Ile Lys		
460	465	470
10		
GAC GCC ATG ATT CCA AGT GGA ACT GTA ATC TAG AAATGGAGCA	1482 15	
Asp Ala Met Ile Pro Ser Gly Thr Val Ile End		
475	480	485
20		
TATAATAAAT ATCACTGCCT ATTTACAGTA CCTATCTGAG TCTCCCACCA	1532	
25		
TGACCCTTG ATTCAATCTT TTAGTTATGT AAATATTTT GGCTTTGCG	1582 25	
ATTTGCCAT AAATTTGAAG AAGCGAGGAT TCAGGGACGA TAGTGCTATG	1632	
30		
AATTGGAAGA AAGGATTGG GGGATATCTT TGAAAGACA TTTGACTAC	1682	
TGGGCACTAA AAATTTGGTA ATGCTATACC AAAATATATA AAAAGATCTT	1732 35	
35		
GCTGGGTTT GGTAAAAAAA AAAAAAAA A	1763	
40		
3. DNA-Sequenz mit der kodierenden Region für Saccharosephosphat-Synthase zur Herstellung von Zuckerrüben mit veränderter Saccharose-Konzentration, dadurch gekennzeichnet, daß diese Sequenz die folgende Nukleotidabfolge (Seq ID No. 3) hat:	45	
45		
50		
55		
60		
65		

DE 43 17 596 A1

GGGCTGCAGG GAAGCTCTGA ACTTCAAAA ATG GCG GGA AAT GAT 0044
 Met Ala Gly Asn Asp
 5

TGG ATA AAC AGT TAT TTA GAG GCA ATT CTG GAT GTG GGT CCA GGA 0089
 Trp Ile Asn Ser Tyr Leu Glu Ala Ile Leu Asp Val Gly Pro Gly
 10 15 20

CTT GAT GAT GCA AAA TCA TCT TTG CTT TTG AGA GAA AGA GGC AGG 0134
 15 Leu Asp Asp Ala Lys Ser Ser Leu Leu Leu Arg Glu Arg Gly Arg
 25 30 35

TTT AGT CCT ACT CGT TAC TTT GTT GAA GAA GTT ATC ACT GGT TTT 0179
 Phe Ser Pro Thr Arg Tyr Phe Val Glu Glu Val Ile Thr Gly Phe
 25 40 45 50

GAT GAA ACC GAC CTT CAT CGT TCA TGG GTT CGG GCA CAA GCA ACA 0224
 30 Asp Glu Thr Asp Leu His Arg Ser Trp Val Arg Ala Gln Ala Thr
 55 60 65

AGG AGT CCT CAA GAG AGG AAT ACT AGA TTG GAG AAC ATG TGT TGG 0269
 35 Arg Ser Pro Gln Glu Arg Asn Thr Arg Leu Glu Asn Met Cys Trp
 70 75 80

AGA ATT TGG AAT TTG GCT CGT CAG AAG AAG CAG CTT GAG AAT GAA 0314
 40 Arg Ile Trp Asn Leu Ala Arg Gln Lys Lys Gln Leu Glu Asn Glu
 85 90 95

GAA GCT CAG CGG AAG ACA AAA CGT CGT ATG GAG CTT GAG AGG GGT 0359
 50 Glu Ala Gln Arg Lys Thr Lys Arg Arg Met Glu Leu Glu Arg Gly
 100 105 110

CGT CGA GAA GCA ACT GCT GAT ATG TCG GAG GAC TTA TCA GAA GGC 0404
 55 Arg Arg Glu Ala Thr Ala Asp Met Ser Glu Asp Leu Ser Glu Gly
 115 120 125

GAA AAG GAC ATT TCA GCT CAT GGT GAT AGC ACC CGT CCT AGA TTG 0449
 60 Glu Lys Asp Ile Ser Ala His Gly Asp Ser Thr Arg Pro Arg Leu
 65 130 135 140

DE 43 17 596 A1

CCA AGA ATA AAT TCT CTT GAT GCT ATG GAG ACA TGG ATT AGT CAA 0494
 Pro Arg Ile Asn Ser Leu Asp Ala Met Glu Thr Trp Ile Ser Gln
 145 150 155 5

CAA AAG GAA AAA AAA CTC TAC CTT GTT TTG ATA AGT CTT CAT GGT 0539
 Gln Lys Glu Lys Lys Leu Tyr Leu Val Leu Ile Ser Leu His Gly 10
 160 165 170

TTG ATA CGA GGT GAA AAC ATG GAA CTT GGC CGT GAT TCT GAT ACT 0584 15
 Leu Ile Arg Gly Glu Asn Met Glu Leu Gly Arg Asp Ser Asp Thr
 175 180 185

GGT GGT CAG GTT AAG TAT GTG GTT GAG CTT GCA AGG GCT CTA GGT 0629
 Gly Gly Gln Val Lys Tyr Val Val Glu Leu Ala Arg Ala Leu Gly
 190 195 200 25

TCG ATG CCA GGT GTT TAT AGA GTT GAT TTG CTA ACT AGG CAA GTT 0674
 Ser Met Pro Gly Val Tyr Arg Val Asp Leu Leu Thr Arg Gln Val
 205 210 215 30

TCA TCT CCT GAC GTG GAT TGG AGT TAT GGG GAG CCT ACT GAG ATG 0719 35
 Ser Ser Pro Asp Val Asp Trp Ser Tyr Gly Glu Pro Thr Glu Met
 220 225 230

CTG AAT CCA AGG GAT TCC AAT GGT TTT GAT GAT GAT GAT GAA 0764
 Leu Asn Pro Arg Asp Ser Asn Gly Phe Asp Asp Asp Asp Asp Glu 45
 235 240 245

ATG GGA GAG AGT AGT GGT GCT TAC ATT GTT CGT ATA CCA TTT GGG 0809 50
 Met Gly Glu Ser Ser Gly Ala Tyr Ile Val Arg Ile Pro Phe Gly
 250 255 260

CCG AGG GAT AAG TAT ATC GCA AAA GAA GAG CTT TGG CCC TAT ATT 0854 55
 Pro Arg Asp Lys Tyr Ile Ala Lys Glu Leu Trp Pro Tyr Ile
 265 270 275 60

DE 43 17 596 A1

	CCT GAA TTT GTT GAT GGT GCT CTA AAC CAC ATA GTT CAA ATG TCC	0899	
	Pro Glu Phe Val Asp Gly Ala Leu Asn His Ile Val Gln Met Ser		
5	280	285	290
	AAA GTT TTA GGT GAG CAA ATT GGT AGC GGG GAA ACA GTT TGG CCA	0944	
10	Lys Val Leu Gly Glu Gln Ile Gly Ser Gly Glu Thr Val Trp Pro		
	295	300	305
15	GTT GCC ATT CAT GGA CAT TAT GCT GAT GCT GGT GAT TCT GCT GCT	0989	
	Val Ala Ile His Gly His Tyr Ala Asp Ala Gly Asp Ser Ala Ala		
	310	315	320
20	CTT CTT TCT GGT GGC CTA AAT GTT CCA ATG CTT TTA ACG GGG CAT	1034	
	Leu Leu Ser Gly Gly Leu Asn Val Pro Met Leu Leu Thr Gly His		
25	325	330	335
30	TCT CTT GGC CGA GAC AAG TTA GAG CAG CTC CTC AAA CAG GGT CGA	1079	
	Ser Leu Gly Arg Asp Lys Leu Glu Gln Leu Leu Lys Gln Gly Arg		
	340	345	350
35	ATG TCT AAA GAT GAC ATA AAC AAT ACA TAC AAA ATA ATG CGT AGG	1124	
	Met Ser Lys Asp Asp Ile Asn Asn Thr Tyr Lys Ile Met Arg Arg		
	355	360	365
40	ATA GAA GCC GAA GAG TTA TCA CTT GAT GCC TCT GAG ATA GTC ATA	1169	
	Ile Glu Ala Glu Glu Leu Ser Leu Asp Ala Ser Glu Ile Val Ile		
45	370	375	380
50	ACT AGT ACA AGA CAA GAA ATA GAA GAG CAA TGG CAC CTC TAT GAT	1214	
	Thr Ser Thr Arg Gln Glu Ile Glu Glu Gln Trp His Leu Tyr Asp		
	385	390	395
55	GGG TTT GAT CCT GTG CTA GAA CGT AAA CTC CGT GCT AGG ATG AAG	1259	
	Gly Phe Asp Pro Val Leu Glu Arg Lys Leu Arg Ala Arg Met Lys		
60	400	405	410

DE 43 17 596 A1

CGT GGT GTA AGC TGT TAT GGA AGG TTC ATG CCC CGG ATG GTT GTT 1304
 Arg Gly Val Ser Cys Tyr Gly Arg Phe Met Pro Arg Met Val Val
 415 420 425 5

ATT CCT CCT GGA ATG GAA TTC AAT CAT ATT GTT CCA CAT GAG GGT 1349
 Ile Pro Pro Gly Met Glu Phe Asn His Ile Val Pro His Glu Gly 10
 430 435 440

GAT ATG GAT GGT GAA ACA GAA GAA ACT GAA GAG CAT CCT ACA TCA 1394₁₅
 Asp Met Asp Gly Glu Thr Glu Glu Thr Glu Glu His Pro Thr Ser
 445 450 455

CCT GAT CCA CCT ATC TGG GCT GAG ATT ATG CGC TTC TTT TCT AAA 1439
 Pro Asp Pro Pro Ile Trp Ala Glu Ile Met Arg Phe Phe Ser Lys
 460 465 470 25

CCA AGG AAG CCA ATG ATA CTT GCC CTT GCT AGG CCT GAC CCG AAG 1484
 Pro Arg Lys Pro Met Ile Leu Ala Leu Ala Arg Pro Asp Pro Lys 30
 475 480 485

AAG AAT ATC ACG ACT TTG GTC AAA GCA TTT GGA GAA TGC CGT CCA 1529₃₅
 Lys Asn Ile Thr Thr Leu Val Lys Ala Phe Gly Glu Cys Arg Pro
 490 495 500

CTA AGG GAG CTA GCT AAT CTT ACT CTT ATA ATG GGT AAC CGA GAT 1574
 Leu Arg Glu Leu Ala Asn Leu Thr Leu Ile Met Gly Asn Arg Asp
 505 510 515 45

GGT ATT GAC GAG ATG TCA AGC ACC AGT TCT TCA GTT CTC CTG TCA 1619₅₀
 Gly Ile Asp Glu Met Ser Ser Thr Ser Ser Ser Val Leu Leu Ser

520 525 530

GTG CTT AAG CTA ATT GAT CAA TAC GAC CTT TAT GGT CAA GTA GCA 1664
 Val Leu Lys Leu Ile Asp Gln Tyr Asp Leu Tyr Gly Gln Val Ala
 535 540 545 60

DE 43 17 596 A1

	TAC CCC AAA CAT CAC AAG CAA GCT GAT GTT CCT GAG ATT TAT CGT Tyr Pro Lys His His Lys Gln Ala Asp Val Pro Glu Ile Tyr Arg	550	555	600	1709
5					
	TTG GCA GCA AAG ACA AAG GGA GTC TTT ATT AAT CCA GCT TTT ATT Leu Ala Ala Lys Thr Lys Gly Val Phe Ile Asn Pro Ala Phe Ile	605	610	615	1754
10					
	GAG CCA TTT GGG CTG ACT CTA ATA GAG GCA GCA GCT CAT GGT TTA Glu Pro Phe Gly Leu Thr Leu Ile Glu Ala Ala Ala His Gly Leu	620	625	630	1799
15					
	CCG ATG GTT GCT ACG AAA AAT GGA GGC CCT GTT GAT ATC CAG AGG Pro Met Val Ala Thr Lys Asn Gly Gly Pro Val Asp Ile Gln Arg	635	640	645	1844
20					
	GTC CTT GAT AAT GGT CTT CTT GTG GAT CCT CAT GAG CAG CAG TCT Val Leu Asp Asn Gly Leu Leu Val Asp Pro His Glu Gln Gln Ser	650	655	660	1889
25					
	ATT GCT ACT GCT TTG CTG AAG CTT GTT GCT GAT AAG CAA CTA TGG Ile Ala Thr Ala Leu Leu Lys Leu Val Ala Asp Lys Gln Leu Trp	665	670	675	1934
30					
	ACA AAA TGC CAG CAA AAT GGA CTG AAA AAT ATT CAT CTC TAC TCT Thr Lys Cys Gln Gln Asn Gly Leu Lys Asn Ile His Leu Tyr Ser	680	685	690	1979
35					
	TGG CCA GAG CAT TCG AAG ACA TAC CTA TCT CGA ATA GCC AGT TCG Trp Pro Glu His Ser Lys Thr Tyr Leu Ser Arg Ile Ala Ser Ser	695	700	705	2024
40					
	AGA CAA AGG CAA CCA CAG TGG CAA AGA AGT AGT GAT GAA GGG CTT Arg Gln Arg Gln Pro Gln Trp Gln Arg Ser Ser Asp Glu Gly Leu	710	715	720	2069
45					
50					
55					
60					
65					

DE 43 17 596 A1

GAC AAT CAA GAG CCT GAA TCT CCA AGT GAT TCT TTA AGA GAT ATA	2114	
Asp Asn Gln Glu Pro Glu Ser Pro Ser Asp Ser Leu Arg Asp Ile		
725	730	735
AAG GAT ATA TCT CTA AAC CTT GAA GTT CTC GTT AGA CCG GAG AAA	2159	
Lys Asp Ile Ser Leu Asn Leu Glu Val Leu Val Arg Pro Glu Lys		
740	745	750
AGG GTG AAG ACG TTG AAA ATC TTG GGA TTG ATG ACA AAA GCA AAT	2204 15	
Arg Val Lys Thr Leu Lys Ile Leu Gly Leu Met Thr Lys Ala Asn		
755	760	765
TCG AGA ATG CTG TTA TGT TCA TGG TCT AAT GGT GTC CAT AAG ATG	2249	
Ser Arg Met Leu Leu Cys Ser Trp Ser Asn Gly Val His Lys Met		
770	775	780
CTT CGG AAG GCT CGG TTC TCT GAC AAA GTA GAT CAG GCT TCT AGT	2294	
Leu Arg Lys Ala Arg Phe Ser Asp Lys Val Asp Gln Ala Ser Ser		
785	790	795
AAA TAT CCA GCA TTT AGG AGG AGA AAA CTT ATA TAT GTT ATT GCT	2339 35	
Lys Tyr Pro Ala Phe Arg Arg Lys Leu Ile Tyr Val Ile Ala		
800	805	810
GTA GAC GGG GAT TAT GAA GAT GGA CTT TTT GAT ATT GTT CGG AGG	2384	
Val Asp Gly Asp Tyr Glu Asp Gly Leu Phe Asp Ile Val Arg Arg		
815	820	825
ATA TTT GAT GCT GGC AAG GAG AAG ATT GAA GGT TCC ATC GGG	2429 50	
Ile Phe Asp Ala Ala Gly Lys Glu Lys Ile Glu Gly Ser Ile Gly		
830	835	840
TTT ATA TTG TCA ACA TCC TAT TCT ATG CCC GAA ATT CAG AAC TAT	2474 55	
Phe Ile Leu Ser Thr Ser Tyr Ser Met Pro Glu Ile Gln Asn Tyr		
845	850	855

DE 43 17 596 A1

	TTG CTA TCA AAA GGC TTC AAT CTT CAT GAT TTT GAT GCA TAT ATA		2519
5	Leu Leu Ser Lys Gly Phe Asn Leu His Asp Phe Asp Ala Tyr Ile		
	860	865	870
	TGC AAC AGT GGG AGT GAG TTG TAC TAT TCA TCT TTG AAC TCA GAG		2564
10	Cys Asn Ser Gly Ser Glu Leu Tyr Tyr Ser Ser Leu Asn Ser Glu		
	875	880	885
15	GAG AGT AAT ATT ATA GCA GAT TCA GAT TAC CAT TCA CAC ATA GAG		2609
	Glu Ser Asn Ile Ile Ala Asp Ser Asp Tyr His Ser His Ile Glu		
	890	895	900
20	TAC AGA TGG GGT GGA GAA GGC CTT AGA AGG ACT TTG CTT CGC TGG		2654
	Tyr Arg Trp Gly Gly Glu Gly Leu Arg Arg Thr Leu Leu Arg Trp		
25	905	910	915
30	GCA GCT TCC ATC ACA GAA AAA AAT GGT GAA AAC GAA GAA CAG GTT		2699
	Ala Ala Ser Ile Thr Glu Lys Asn Gly Glu Asn Glu Glu Gln Val		
	920	925	930
35	ATT ACT GAA GAT GAA GAA GTT TCT ACG GGT TAT TGC TTT GCG TTT		2744
	Ile Thr Glu Asp Glu Glu Val Ser Thr Gly Tyr Cys Phe Ala Phe		
40	935	940	945
45	AAA ATA AAG AAC CAA AAT AAG GTT CCC CCT ACG AAG GAG CTC CGC		2789
	Lys Ile Lys Asn Gln Asn Lys Val Pro Pro Thr Lys Glu Leu Arg		
	950	955	960
50	AAG TCA ATG AGG ATT CAA GCT CTT CGT TGC CAT GTG ATT TAC TGT		2834
	Lys Ser Met Arg Ile Gin Ala Leu Arg Cys His Val Ile Tyr Cys		
	965	970	975
55	CAG AAC GGA TCT AAA ATG AAT GTG ATT CCA GTA CTA GCA TCC CGT		2879
	Gln Asn Gly Ser Lys Met Asn Val Ile Pro Val Leu Ala Ser Arg		
60	980	985	990

DE 43 17 596 A1

TCT CAA GCC CTC AGG TAT CTT TAT GTT CGT TGG GGA GTT GAG TTG 2924
 Ser Gln Ala Leu Arg Tyr Leu Tyr Val Arg Trp Gly Val Glu Leu
 995 1000 1005 5

TCG AAG ATG GTT GTC TTT GTT GGA GAA TGT GGT GAC ACA GAT TAT 2969
 Ser Lys Met Val Val Phe Val Gly Glu Cys Gly Asp Thr Asp Tyr
 1010 1015 1020 10

GAA GGC TTG CTT GGC GGG GTC CAT AAA ACC GTA ATA CTG AAG GGA 3014₁₅
 Glu Gly Leu Leu Gly Gly Val His Lys Thr Val Ile Leu Lys Gly
 1025 1030 1035 20

GTC TCC AAC ACT GCT TTA AGG TCT CTC CAT GCC AAC AGA AGT TAC 3059
 Val Ser Asn Thr Ala Leu Arg Ser Leu His Ala Asn Arg Ser Tyr
 1040 1045 1050 25

CCT CTT TCA CAT GTC GTG TCG CTT GAC AGC CCC AAT ATT GGC GAG 3104
 Pro Leu Ser His Val Val Ser Leu Asp Ser Pro Asn Ile Gly Glu
 1055 1060 1065 30

GTG AGC AAA GGG TGC AGC AGC TCC GAG ATC CAG TCC ATC GTC ACA 3149³⁵
 Val Ser Lys Gly Cys Ser Ser Glu Ile Gln Ser Ile Val Thr
 1070 1075 1080

AAA CTC TCC AAA GCT TAA TCAGATATCT GCTGCTTCT TTTGGGTAAG 3197
 Lys Leu Ser Lys Ala End
 1085 45

CAAGGTTCA TCTTATATGA TTATATCATA AGATACTATA TAAGCACCTT 3247
 50

ATTGGTAAGT CAGTCCCATA ATAATAATGT ACTTCAGAAC CACAATACTT 3297

AAAAGTTGGT TCAGTAGTGA TTAGTCTCAT AATAATCATA TAATTACACA 3347 55

TCCGCTGTTA ACTAGTGGTA ATATCTAAC TCAACAATAA AGATGTAAAA 3397
 60

TGCTAGTATG GAAATGAATT GCTAGCTGTT GATCTCTTC CCTTTATTCT 3447

DE 43 17 596 A1

	GTATTATTC TTTCCCTCATC TCATGTAAAA ACAATTTCT GAAGGTGTAC	3497
5	AGTTTTTCC CCTTATATAT CTGTATTATT TCTACTATTT TTTGTTTGTA	3547
10	AGAATATCCT CTCATCGAGG AGTGATAATT AAATAACC GG CTTGCTAAAT	3597
15	ATAAAAGCTTA TTCGAGTTAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA	3635
20	4. DNA-Sequenz mit der kodierenden Region für Saccharosesynthase zur Herstellung von Zuckerrüben mit veränderter Saccharosekonzentration, dadurch gekennzeichnet, daß diese Sequenz die folgende Nukleotidabfolge (Seq. ID No. 4) hat:	
25	CT GCA GGA GGG AAA CAA ATT CTT AGC GAT GGC CCG TTT AGC GAA 0044 Ala Gly Gly Lys Gln Ile Leu Ser Asp Gly Pro Phe Ser Glu 5 10	
30	GTT CTT AGG TCT GCT CAG GAA GCA ATA GTT GTT CCT CCC TTT GTT 0089 Val Leu Arg Ser Ala Gln Glu Ala Ile Val Val Pro Pro Phe Val 15 20 25	
35	GCT ATA GCA GTC CGT CCA AGA CCT GGA GTT TGG GAA TAT GTT CGT 0134 Ala Ile Ala Val Arg Pro Arg Pro Gly Val Trp Glu Tyr Val Arg 30 35 40	
40	GTT AAT GTC TCT GAA CTG AAT GTG GAG CAG CTA ACT GTG TCT GAG 0179 Val Asn Val Ser Glu Leu Asn Val Glu Gln Leu Thr Val Ser Glu 45 50 55	
45	TAT CTC CAT TTC AAG GAA GAA CTT GTG GAT GGA AAG GCT GAT GAC 0224 Tyr Leu His Phe Lys Glu Glu Leu Val Asp Gly Lys Ala Asp Asp 50 60 65 70	
55	CAC TAT GTG CTT GAG CTT GAT TTC GAG CCT TTT AAT GAA TCA GTT 0269 His Tyr Val Leu Glu Leu Asp Phe Glu Pro Phe Asn Glu Ser Val 75 80 85	
60		

DE 43 17 596 A1

CCA CGT CCA ACT CGC TCT TCA TCA ATT GGT AAT GGT GTT CAG TTC 0314
 Pro Arg Pro Thr Arg Ser Ser Ser Ile Gly Asn Gly Val Gln Phe
 90 95 100 5

CTC AAT CGG CAC CTG TCA TCA AGC ATG TTC TGC AAC AAA GAT TGC 0359
 Leu Asn Arg His Leu Ser Ser Ser Met Phe Cys Asn Lys Asp Cys 10
 105 110 115

TTG GAG CCG TTA CTT GAT TTT CTT AGA GTG CAC AAA CAT AAA GGA 040415
 Leu Glu Pro Leu Leu Asp Phe Leu Arg Val His Lys His Lys Gly
 120 125 130 20

GTT GTC ATG ATG TTG AAT GAT CGG ATA CAG ACT ATC CAG CGT CTT 0449
 Val Val Met Met Leu Asn Asp Arg Ile Gln Thr Ile Gln Arg Leu
 135 140 145 25

CAG TCT GCA TTG TCT AAA GCT GAG GAT TAT CTT ATC AAA CTT CCA 0494
 Gln Ser Ala Leu Ser Lys Ala Glu Asp Tyr Leu Ile Lys Leu Pro 30
 150 155 160

GCA GAT ACA CCT TAC TCT GAG TTC GAA TTT GTA ATC CAA GGT ATG 0539 35
 Ala Asp Thr Pro Tyr Ser Glu Phe Glu Phe Val Ile Gln Gly Met
 165 170 175

GGT TTT GAA AGA GGC TGG GGT GAT ACT GCT GAA AGG GTT CTA GAA 0584
 Gly Phe Glu Arg Gly Trp Gly Asp Thr Ala Glu Arg Val Leu Glu 40
 180 185 190

ATG ATG CAT CTA CTA CTA GAT ATC CTT CAG GCT CCC GAT CCG TCT 0629 50
 Met Met His Leu Leu Leu Asp Ile Leu Gln Ala Pro Asp Pro Ser
 195 200 205

ACA TTA GAG ACA TTT CTG GGA AGA CTT CCC ATG GTG TTT AAT GTG 0674 55
 Thr Leu Glu Thr Phe Leu Gly Arg Leu Pro Met Val Phe Asn Val
 210 215 220

60

DE 43 17 596 A1

	GTC ATT TTG TCT GTA CAT GGA TAT TTT GGA CAG GCA CAT GTG CTC	0719
5	Val Ile Leu Ser Val His Gly Tyr Phe Gly Gln Ala His Val Leu	
	225 230 235	
	GGC TTG CCT GAC ACT GGT GGG CAG ATA GTT TAT ATA CTT GAC CAA	0764
10	Gly Leu Pro Asp Thr Gly Gly Gln Ile Val Tyr Ile Leu Asp Gln	
	240 245 250	
15	GTG CGG TCT CTG GAA CAT GAA ATG CTC CAA CGA ATA AAG AAG CAA	0809
	Val Arg Ser Leu Glu His Glu Met Leu Gln Arg Ile Lys Lys Gln	
	255 260 265	
20	GGA CTA GAT GTG ACT CCT AGA ATT CTT ATC GTG AGT CGG TTG ATT	0854
	Gly Leu Asp Val Thr Pro Arg Ile Leu Ile Val Ser Arg Leu Ile	
25	270 275 280	
30	CCT GAC GCT AAA GGG ACC ACG TGC AAT CAA CGT ATG GAG AAA GTC	0899
	Pro Asp Ala Lys Gly Thr Thr Cys Asn Gln Arg Met Glu Lys Val	
	285 290 295	
35	AGT GGA ACA GAG CAT GCT AGT ATC CTG AGA GTT CCT TTC CGA TCA	0944
	Ser Gly Thr Glu His Ala Ser Ile Leu Arg Val Pro Phe Arg Ser	
	300 305 310	
40	GAG AAA GGA ATC CTC CGC AAA TGG ATA TCT AGA TTT GAT GTA TGG	0989
	Glu Lys Gly Ile Leu Arg Lys Trp Ile Ser Arg Phe Asp Val Trp	
45	315 320 325	
50	CCT TAT TTA GAG ACC TTC ACT GAG GAT GCA GCT GGT GAA ATT ATT	1034
	Pro Tyr Leu Glu Thr Phe Thr Glu Asp Ala Ala Gly Glu Ile Ile	
	330 335 340	
55	GGC GAG TTG CAG GGT CGT CCA GAT CTG ATA ATT GGC AAC TAC AGC	1079
	Gly Glu Leu Gln Gly Arg Pro Asp Leu Ile Ile Gly Asn Tyr Ser	
60	345 350 355	

DE 43 17 596 A1

GAT GGG AAT ATA GTT GCT TCT TTA TTG TCC CAC AAA ATG GGT GTC 1124
 Asp Gly Asn Ile Val Ala Ser Leu Leu Ser His Lys Met Gly Val
 360 365 370 5

ACC CAG TGC AAT ATA GCC CAT GCA TTG GAG AAA ACC AAG TAT CCA 1169
 Thr Gln Cys Asn Ile Ala His Ala Leu Glu Lys Thr Lys Tyr Pro
 375 380 385 10

GAT TCT GAT ATT TAC TGG AAA AGA TTT GAG GAC AAA TAT CAC TTC 1214₁₅
 Asp Ser Asp Ile Tyr Trp Lys Arg Phe Glu Asp Lys Tyr His Phe
 390 395 400 20

TCG TGT CAA TTT TCA GCT GAC TTG ATG GCA ATG AAT CAT GCT GAT 1259
 Ser Cys Gln Phe Ser Ala Asp Leu Met Ala Met Asn His Ala Asp
 405 410 415 25

TTC ATC ATT ACG AGT ACT TAC CAA GAG ATA GCT GGA ACG AAG AAT 1304
 Phe Ile Ile Thr Ser Thr Tyr Gln Glu Ile Ala Gly Thr Lys Asn
 420 425 430 30

ACT GTT GGT CAA TAT GAA AGC CAT AAG GCC TTT ACT TTT CCG GGG 1349₃₅
 Thr Val Gly Gln Tyr Glu Ser His Lys Ala Phe Thr Phe Pro Gly
 435 440 445 40

CTG TAT CGG GTG GTT CAC GGG ATT GAT GTC TTT GAT CCC AAG TTT 1394
 Leu Tyr Arg Val Val His Gly Ile Asp Val Phe Asp Pro Lys Phe
 450 455 460 45

AAT ATT GTC TCG CCA GGG GCA GAC ATG GCC ATC TAC TTC CCA TTT 1439₅₀
 Asn Ile Val Ser Pro Gly Ala Asp Met Ala Ile Tyr Phe Pro Phe
 465 470 475

TCA GAG AAG GAT GTC ACC TGT CTC ACT TCA CTT CAT AGA CTT ATA 1484
 Ser Glu Lys Asp Val Thr Cys Leu Thr Ser Leu His Arg Leu Ile
 480 485 490 60 65

DE 43 17 596 A1

	GAG CAG CTC CTA TTC AAA CCT GAG CAG AAC GAA GAA CAC ATT GGT	1529	
	Glu Gln Leu Leu Phe Lys Pro Glu Gln Asn Glu Glu His Ile Gly		
5	495	500	505
	GTA TTA GAT GAT ACC TCA AAG CCA ATT ATA TTT TCC ATG GCG AGG	1574	
10	Val Leu Asp Asp Thr Ser Lys Pro Ile Ile Phe Ser Met Ala Arg		
	510	515	520
15	CTA GAC CGT GTG AAG AAT ATA ACA GGG CTG GTA GAG TGC TAT GGC	1619	
	Leu Asp Arg Val Lys Asn Ile Thr Gly Leu Val Glu Cys Tyr Gly		
	525	530	535
20			
	AAG AAT GCG AAA CTC AGG GAA CTG GCA AAC CTG GTT GTA GTG GCT	1664	
	Lys Asn Ala Lys Leu Arg Glu Leu Ala Asn Leu Val Val Val Ala		
25	540	545	550
30	GGG TAC AAT GAT GTA AAA AAG TCG AAT GAC AGG GAG GAA ATT GCC	1709	
	Gly Tyr Asn Asp Val Lys Lys Ser Asn Asp Arg Glu Glu Ile Ala		
	555	560	565
35			
	GAA ATC GAG AAG ATG CAC AGG CTT ATA CAG GAG TAT AAT TTA AGA	1754	
	Glu Ile Glu Lys Met His Arg Leu Ile Gln Glu Tyr Asn Leu Arg		
40	570	575	580
45	GGA CAA TTT CGC TGG ATT GCT TCT CAA ACA AAT AGA GTA CGA AAT	1799	
	Gly Gln Phe Arg Trp Ile Ala Ser Gln Thr Asn Arg Val Arg Asn		
	585	590	595
50			
	GGT GAA CTC TAT CGC TAC ATT TGT GAC AAA GGA GGT ATT TTT GCG	1844	
	Gly Glu Leu Tyr Arg Tyr Ile Cys Asp Lys Gly Gly Ile Phe Ala		
	600	605	610
55			
	CAG CCT GCA TTT TAT GAA GCA TTT GGG CTT ACA GTT GTT GAA GCC	1889	
	Gln Pro Ala Phe Tyr Glu Ala Phe Gly Leu Thr Val Val Glu Ala		
60	615	620	625

DE 43 17 596 A1

ATG ACC TGT GGT CTT CCC ACA TTT GCT ACC TGC CAC GGT GGT CCA		1934
Met Thr Cys Gly Leu Pro Thr Phe Ala Thr Cys His Gly Gly Pro		
630	635	640
		5
GCT GAG ATT ATA GAA GAC GGT GTT TCA GGA TTT CAT ATC GAT CCA		1979
Ala Glu Ile Ile Glu Asp Gly Val Ser Gly Phe His Ile Asp Pro		
645	650	655
		10
TAT CAT GCT GAT CAG GCA GAA AAA ATG ACT GAA TTC TTT GTC AAG		2024
Tyr His Ala Asp Gln Ala Glu Lys Met Thr Glu Phe Phe Val Lys		15
660	665	670
		20
TGC AGA GAG GAT CCA AAC TAC TGG ACT AAA ATC TCT GCA GGA GGG		2069
Cys Arg Glu Asp Pro Asn Tyr Trp Thr Lys Ile Ser Ala Gly Gly		
675	680	685
		25
TTA CTA AGG ATC AAA GAA AGA TAT ACC TGG CAA AAG TAT TCT GAA		2114
Leu Leu Arg Ile Lys Glu Arg Tyr Thr Trp Gln Lys Tyr Ser Glu		
690	695	700
		30
AGG TTA ATG ACA TTG GCA GGG GTG TAT GGT TTC TGG AAA TAT GTC		2159
Arg Leu Met Thr Leu Ala Gly Val Tyr Gly Phe Trp Lys Tyr Val		
705	710	715
		35
TCT AAA CTA GAG AGA AGA GAG ACA CGA CGT TAT CTT GAG ATG TTC		2204
Ser Lys Leu Glu Arg Arg Glu Thr Arg Arg Tyr Leu Glu Met Phe		
720	725	730
		40
TAC ATT TTG AAG TTC CGT GAT CTG GCC AAC TCT GTT CCG CTG GCA		2249
Tyr Ile Leu Lys Phe Arg Asp Leu Ala Asn Ser Val Pro Leu Ala		
735	740	745
		50
ACA GAT GAA GAG CCT TCT ACT ACT GAT GCA GTT GCG ACA TTC CGT		2294
Thr Asp Glu Glu Pro Ser Thr Thr Asp Ala Val Ala Thr Phe Arg		
750	755	760
		60
		65

	GGA CCT TGA ACGCTGCTGC TTACTGAGGT TCCAAGTTGT GTATATATTA	2343
	Gly Pro End	
5	CTGTGAAAGG AATAAGTGT A GCTACACAAA AGGTTCTCAA CTATTAGTAT	2393
10	CTTCTCTGTG TAAATAACGA GAGTGAAAAA TGTAATATTG TTGATGTCTT	2443
	GAAAATGAG TTTGCTTTGT TTATTTTAA GTGTATGACA ATATGTATCA	2493
15	TATAACGGAT TCTTCAGTGA TCATATCAAA AACTACTGAC CATCGAAGTT	2543
20	AATGAAAATC GACAGCAACA	2563

25 5. Derivate von DNA-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1—4, dadurch gekennzeichnet, daß diese Derivate durch Austausch einzelner Basen oder durch zielgerichtete oder nicht-zielgerichtete Mutagenese erhalten werden.

6. Plasmide enthaltend

30 a) einen geeigneten Promotor, der sicherstellt, daß die kodierende Sequenz zum geeigneten Zeitpunkt oder in einem bestimmten Entwicklungszustand in der transgenen Zuckerrübe oder in bestimmten Geweben von transgenen Zuckerrübenpflanzen abgelesen wird,

b) mindestens eine kodierende Sequenz für Zuckerrübe gemäß den Ansprüchen 1—5, die i) so an den Promotor gekoppelt ist, daß die Bildung einer in ein Protein translatierbaren RNA erlaubt wird, wobei das Protein eine enzymatische Aktivität aufweist, die zu einer Veränderung der Saccharosekonzentration in der Pflanze führt oder

35 ii) die so an den Promotor gekoppelt ist, daß der nicht-kodierende Strang abgelesen wird, was zur Bildung einer sog. "anti-sense" RNA führt, die die Bildung des von einem endogenen Gen in der Pflanze kodierenden Proteins, das in der Saccharosebiosynthese involviert ist, unterdrückt und

c) eine nicht-kodierende Terminations-Sequenz, die die Signale zur Termination des Transkriptes über eine Poly-Adenylierung enthält, umfaßt.

40 7. Verwendung der DNA-Sequenzen und Plasmide gemäß den Ansprüchen 1—6, zur Herstellung von Zuckerrüben mit veränderter Saccharose-Konzentration.

8. Verwendung der DNA-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1—4 zur Herstellung von Derivaten durch zielgerichtete oder nicht-zielgerichtete Mutagenese.

9. Zuckerrüben, enthaltend eine DNA-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1—5.

45

50

55

60

65